ISSN 2786-6661

Особливості змін мікробіому ротової порожнини у пацієнтів дитячого віку з вира-женою гіпертрофією аденоїдної тканини та асоційованими ускладненнями зі сторо-ни зубо-щелепної системи

UDC: 579.61:616.21-053.2:616.31-008.4

DOI: https://doi.org/10.32345/USMYJ.1(160).2026.114-119

Received: December 17, 2025
Accepted: February 18, 2026
Published online: March 31, 2026

Орина Кошель[1], Юлія Дєєва[1, 2]

[1] Кафедра оториноларингології, Національний медичний університет імені О.О. Богомольця, м. Київ, Україна
[2] Свято-Михайлівська клінічна лікарня, м. Київ, Україна

ORCID:
Julia Deyeva: 0000-0003-0552-1254
Orina Koshel

Corresponding author:
Yuliia Dieieva
E-mail: deevanmu@gmail.com

Анотація: виражена гіпертрофія аденоїдної тканини (ГАТ) II–III ступеня у дітей 3–9 років є однією з основних причин хронічного ротового дихання, що призводить до сухості слизової оболонки ротової порожнини, зміни pH середовища, порушення колонізаційної резистентності та розвитку дисбіозу мікробіому ротової порожнини й ротоглотки. Ці зміни розглядаються як один із можливих механізмів формування аномалій зубо-щелепної системи (ЗЩС), зокрема відкритого прикусу, малоклюзії класу II та інших краніофаціальних порушень, однак їхній внесок та динаміка після усунення обструкції залишаються недостатньо вивченими. Метою дослідження було оцінити особ-ливості складу та різноманітності мікробіому ротової порожнини у дітей з вираженою ГАТ II–III стадії, асоційованою з аномаліями прикусу, у порівнянні зі здоровими дітьми, а також простежити динаміку мікробних змін через 2 місяці після ендоскопічної аденотомії. Обстежено 50 дітей віком 3–9 років (середній вік 5,8 ± 1,2 роки): основна група – 30 пацієнтів з клінічно підтвердженою ГАТ II–III стадії, хронічним ротовим диханням (>80% часу) та ускладненнями ЗЩС (відкритий прикус або клас II малоклю-зія за цефалометрією); контрольна група – 20 здорових дітей без аденоїдної гіпертрофії та скарг на дихання чи прикус. Зразки матеріалу (мазки з ротової порожнини та ротоглотки) відбирали до операції та через 2 місяці після ендоскопічної аденотомії; проводили 16S rRNA-ген-секвенування з подальшим аналізом альфа- та бета-різноманітності (індекси Shannon, Simpson, Bray-Curtis, Jaccard, PERMANOVA), таксономічного складу на рівні роду, LEfSe-аналізу (LDA > 3.0) та random forest для ідентифікації біомаркерів. У дітей з ГАТ виявлено статистично значуще зниження альфа-різноманітності (Shannon та Simpson, $p < 0,05$) та чітке розділення мікробних профілів порівняно з контролем (PERMANOVA, $p < 0,05$), що свідчить про виражений дисбіоз. Основна група характе-ризувалася значним збагаченням анаеробними родами: *Prevotella* (18,4 ± 4,2%), *Fusobacterium* (9,8 ± 2,9%), *Parvimonas*, а також *Lactobacillus* та *Bifidobacterium*; особливо виражені зміни спостерігалися у підгрупі з аномаліями прикусу (*Prevotella* 21,3 ± 4,1%, *Fusobacterium* 11,6 ± 3,2%, *Parvimonas* 4,9 ± 1,8%; $p < 0,05$). У контрольній групі домінували *Haemophilus*, *Neisseria*, *Veillonella*. Після аденотомії відзначалася часткова нормалізація мікробного складу: зростання альфа-різноманітності ($p < 0,05$), зниження частки *Prevotella* та *Fusobacterium*, збільшення *Haemophilus*, що корелювало з клінічним

How to cite this article: Koshel O, Dieieva Y. Features of changes in the oral microbiome in pediatric patients with pronounced adenoid tissue hypertrophy and associated dentoalveolar complications. Ukrainian Scientific Medical Youth Journal. 2026;1(160):114-119. doi:10.32345/USMYJ.1(160).2026.114-119

Creative Commons «Attribution» 4.0

покращенням (зменшення ротового дихання, відновлення носового дихання). LEfSe та random forest-аналіз ідентифікували панель біомаркерів дисбіозу: *Prevotella* (AUC = 0,89), комбінація *Fusobacterium* + *Parvimonas* (AUC = 0,92). Отримані дані підтверджують, що виражена аденоїдна гіпертрофія у дітей асоціюється з анаеробним дисбіозом мікробіому ротової порожнини, який може відігравати роль у патогенезі аномалій ЗЩС на тлі тривалого ротового дихання. Ендоскопічна аденотомія сприяє частковому відновленню мікробного балансу та може розглядатися як важливий фактор профілактики та корекції зубо-щелепних ускладнень.

Ключові слова. Мікробіота, Аденоїди, Дихання Ротом, Неправильний Прикус, Дисбіоз, Дитина

Вступ

Виражена гіпертрофія аденоїдної тканини (ГАТ) є поширеною причиною обструкції верхніх дихальних шляхів у дітей у період від 3 до 9 років, що призводить до хронічного ротового дихання, порушення прикусу (наприклад, відкритий прикус, клас II малоклюзія) та погіршення носового дихання з довгостроковими наслідками для краніофаціального розвитку [1-3]. У сучасній отоларингології дитячого віку залишається високий інтерес до ролі мікробіому ротової порожнини в патогенезі цих станів, оскільки ротове дихання сприяє сухості слизової, зміні pH та дисбіозу, що посилює запалення та структурні зміни [2-5].

Українські дослідження підкреслюють порушення мікробіому ротової порожнини при хронічних інфекціях верхніх дихальних шляхів та ротоглотки, де спостерігається збільшення таксономічного різноманіття патогенних мікроорганізмів (наприклад, *Streptococcus*, *Candida*), що може бути аналогічним при аденоїдних вегетаціях [1-4]. Водночас, метаболічний синдром у дітей асоційований зі змінами мікробіому слини, з домінуванням анаеробів, що погіршує загальний стан дихальних шляхів [4-8].

Міжнародні дані підтверджують, що при обструктивному апное сну, пов'язаному з аденоїдами, відбувається збагачення мікробіому ротової порожнини (родами *Haemophilus*, *Fusobacterium* та *Prevotella*) [9-16], що має тісний взаємозв'язок з ротовим диханням та ризиком карієсу [9, 10]. Механізм зв'язку між анаеробним дисбіозом і аномаліями ЗЩС може полягати в посиленні локального запалення через продукти метаболізму анаеробів (наприклад, коротколанцюгові жирні кислоти від Prevotella та Fusobacterium), що порушує ремоделювання кісткової тканини під час краніофаціального росту. Хронічне ротове дихання створює гіпоксичні умови, сприяючи проліферації анаеробів, що, у свою чергу, може посилювати м'язову дисфункцію та деформації щелеп. Однак в Україні бракує проспективних досліджень, які б аналізували мікробні профілі при II, III стадіях гіпертрофії аденоїдної тканини у дітей, що створює прогалину в розумінні етіопатогенезу.[1-7]

Мета

Оцінити особливості складу та динаміки мікробіому ротової порожнини та ротоглотки у дітей з вираженою ГАТ II–III ступеня, асоційованою з ЗЩС, та визначити потенційні біомаркери дисбіозу.

Завдання

Порівняти склад і різноманітність мікробіому між пацієнтами з ГАТ (включаючи підгрупу з аномаліями ЗЩС) та здоровим контролем. Виявити диференціальні таксони та біомаркери дисбіозу, асоційовані з ГАТ та ускладненнями ЗЩС. Проаналізувати зміни мікробного складу через 2 місяці після аденотомії та їх зв'язок з клінічним покращенням.

Матеріали і методи

В основі роботи лежить оригінальне проспективне когортне дослідження з міжгруповим порівнянням та елементами динамічного спостереження, що включає виявлення особливостей мікробіому між групами та аналіз динаміки після ендоскопічної аденотомії. Дослідження тривало від моменту включення до 2-місячного періоду після операції та проводилося на базі відділення оториноларингології дорослих та дітей київської лікарні у період з 2023 по 2025 рік.

У дослідженні взяли участь 50 дітей віком 3–9 років (середній вік 5,8 ± 1,2 років). Основна група (n=30) включала пацієнтів ГАТ II-III стадії, з клінічно вираженими проявами та ускладненнями: ротове дихання (>80% часу дихання через рот, за даними опитувальника батьків), порушення носового дихання (анамнестично) та аномалії прикусу (відкритий прикус, клас II малоклюзія, підтверджені цефалометрією). Критерії виключення: антибіотикотерапія протягом останнього місяця, вроджені дефекти краніофаціальної ділянки, гострі інфекції, імунодефіцити, алергічний риніт у фазі загострення, хронічні захворювання ШКТ. Всі пацієнти основної групи проходили ортодонтичне лікування (використання ортодонтичних апаратів для корекції прикусу), яке було стандартизованим і не включало антимікробні засоби; цей фактор враховувався як коваріата в регресійному аналізі для оцінки впливу

ISSN 2786-6661

на мікробіом, та цефалометричні дані бокових телерентгенограм отримано ретроспективно.

Контрольна група (n = 20) складалася з здорових дітей того ж віку без ознак аденоїдної гіпертрофії (за даними відеоендоскопії носоглотки) та без скарг на дихання чи прикус. Групи були узгоджені за статтю та соціально-економічними факторами. Вибірка розрахована за допомогою G*Power 3.1 (power = 0,8, alpha = 0,05, effect size = 0,5 для Mann-Whitney тесту) для первинного результату – порівняння альфа-різноманітності (індекс Shannon) між групами.

Зразки мікробіому збиралися до аденотомії та через 2 місяці після операції. Мазки бралися стерильними одноразовими тампонами з ротоглотки (задня стінка) та носоглотки. Проводили 16S rRNA-ген-секвенування (ампліфікація ділянки V3–V4) на платформі Illumina MiSeq з глибиною секвенування не менше 50 000 reads на зразок. Обробка даних виконувалася за допомогою bioinformatics pipeline QIIME2 (версія 2023.5), з використанням DADA2 для фільтрації та кластеризації ампліконів (поріг фільтрації reads – Q > 30), нормалізацією за методом rarefaction до мінімальної глибини. Процедура проводилася вранці натщесерце, без гігієни рота протягом 2 годин до збору.

Ступінь аденоїдної гіпертрофії підтверджувався відеоендоскопією. Порушення прикусу – ортодонтичним оглядом з цефалометрією (аналіз кутів SNA/SNB, висоти піднебіддя).

Дані оброблялися в R (v.4.3.1) та SPSS. Порівняння груп – Mann-Whitney U-test для непараметричних даних, t-тест для нормальних (перевірка Shapiro-Wilk). Динаміка змін – repeated measures ANOVA або Friedman test. Кореляції – Spearman rho. Біомаркери дис-біозу ідентифікувалися LEfSe (linear discriminant analysis effect size). Рівень значущості p < 0,05. Bonferroni correction для параметричних тестів та FDR (false discovery rate) корекція Benjamini-Hochberg для множинних порівнянь на рівні таксонів у LEfSe-аналізі.

Результати

Порівняння складу мікробіому між основною та контрольною групами. Аналіз 16S rRNA-секвенування мазків з ротової порожнини та ротоглотки виявив значні відмінності в складі мікробіому між групами. У основній групі спостерігалося зниження альфа-різноманітності (індекси Shannon та Simpson, p < 0,05) порівняно з контролем, що свідчить про дисбіоз. Бета-різноманітність (Bray-Curtis та Jaccard, PERMANOVA, p < 0,05) показала чітке розділення мікробних профілів між групами (Рис. 1).

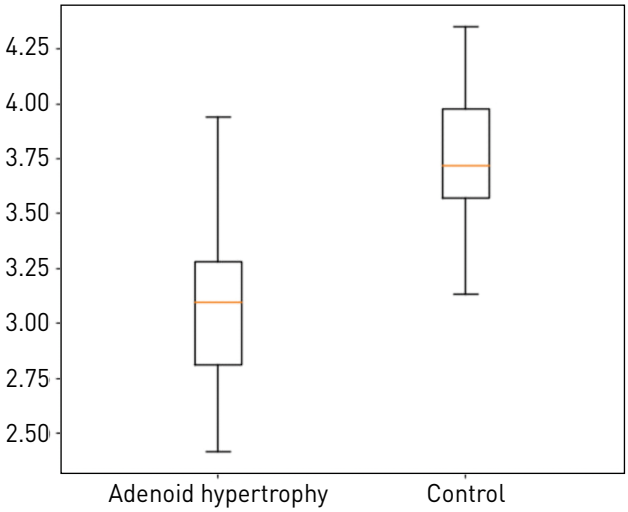


Рисунок 1. Порівняння різноманітності мікробіому у дітей з гіпертрофією аденоїдів та здорових дітей контрольної групи.

(A) Індекси альфа-різноманітності (Шеннона та Сімпсона) демонструють значне зниження мікробної різноманітності в основній групі порівняно з контрольною групою, що вказує на дисбіоз ротової порожнини та ротоглотки (p < 0,05, тест Вілкоксона).

(B) Аналіз головних координат (PCoA) на основі несхожості Брея-Кертіса показує чітке розділення структур мікробних спільнот між групами. Кластеризація груп була статистично значущою згідно з аналізом PERMANOVA (p = 0,003).

На рівні роду домінуючими таксонами в основній групі були *Prevotella* (18,4 ± 4,2%), (15,7 ± 3,8%), *Haemophilus* (12,1 ± 3,5%), *Fusobacterium* (9,8 ± 2,9%) та *Veillonella* (8,2 ± 2,1%). У контрольній групі (рис. 2) переважали *Haemophilus* (22,3 ± 5,1%),

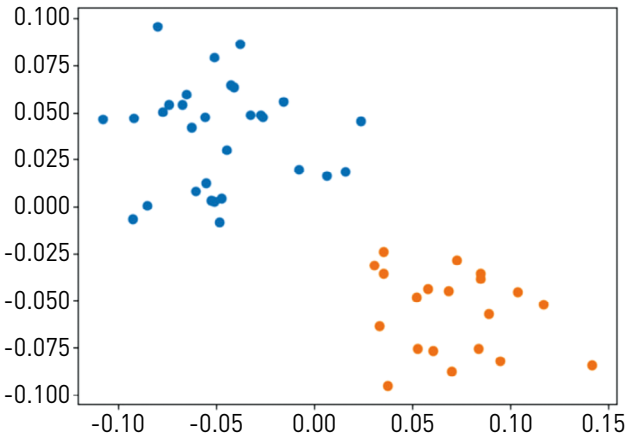
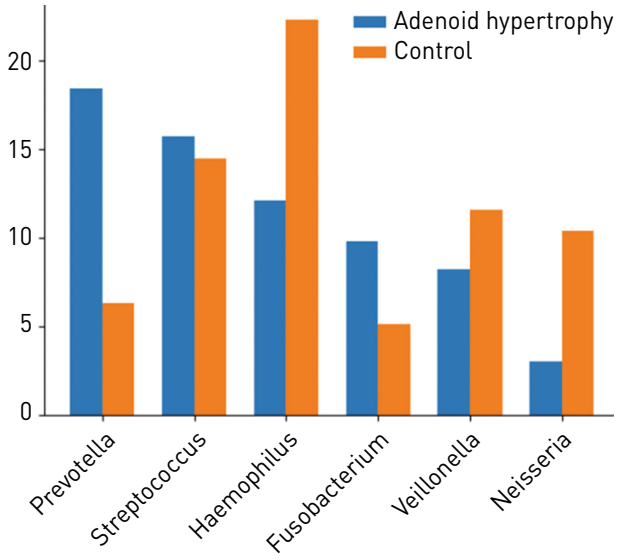


Рисунок 2. Таксономічний склад та аналіз LEfSe мікробіому ротової порожнини та ротоглотки. Відносна кількість домінуючих родів бактерій у дітей з гіпертрофією аденоїдів та у здорових дітей контрольної групи.

Creative Commons «Attribution» 4.0



Streptococcus (14,5 ± 3,2%), *Veillonella* (11,6 ± 2,8%) та *Neisseria* (10,4 ± 2,7%), з меншою часткою *Prevotella* (6,3 ± 1,9%) та *Fusobacterium* (5,1 ± 1,4%) .

LEfSe-аналіз (LDA score > 3,0, p < 0,05) виявив значне збагачення в основній групі родів *Prevotella, Fusobacterium, Parvimonas, Lactobacillus* та *Bifidobacterium*, тоді як у контролі переважали *Haemophilus, Neisseria* та *Veillonella.*

Порівняння мікробіому в підгрупах основної групи: з порушеним прикусом та без порушення прикусу. У основній групі (n = 30) пацієнти були поділені на дві підгрупи: 14 дітей з вираженими аномаліями прикусу та 16 дітей без значущих змін прикусу (основні скарги – ротове дихання та порушення носового дихання). У підгрупі з порушеним прикусом спостерігалося більш виражене збагачення анаеробними родами: *Prevotella* (21,3 ± 4,1% проти 15,8 ± 3,7% у підгрупі без порушення, p < 0,05), *Fusobacterium* (11,6 ± 3,2% проти 8,4 ± 2,5%, p < 0,05) та *Parvimonas* (4,9 ± 1,8% проти 2,7 ± 1,2%, p < 0,05). Альфа-різноманітність була нижчою в підгрупі з малоклюзією (Shannon index 3,12 ± 0,41 проти 3,58 ± 0,36, p < 0,05), а бета-різноманітність показала значне розділення між підгрупами (PERMANOVA, p < 0,05).

У підгрупі без порушення прикусу частіше зустрічалися *Haemophilus* (14,8 ± 3,9%) та *Veillonella* (9,1 ± 2,4%), що ближче до контрольної групи. LEfSe-аналіз підтвердив, що *Prevotella*, *Fusobacterium* та *Parvimonas* є диференціальними таксонами для підгрупи з порушеним прикусом (LDA >3,2, p < 0,05). (Таб.1.)

Через 2 місяці після ендоскопічної аденотомії відзначилася часткова нормалізація мікробного складу, що проявилася зростанням альфа-різноманітності (p < 0,05), зниженням відносної кількості *Prevotella* та *Fusobacterium*, збільшенням *Haemophilus* та корелює зі зменшенням ротового дихання з одночасним покращенням носового. Було виявлено сильні кореляції (Spearman rho 0,55-0,61 p < 0,05) між відносною кількістю *Prevotella, Fusobacterium, Parvimonas* та клінічними проявами. Ці дані підтверджують участь дисбіозу в патогенезі ускладнень ГАТ.

LEfSe та random forest-аналіз ідентифікували панель біомаркерів: *Prevotella* (AUC = 0,89), *Fusobacterium, Parvimonas* (комбінований AUC = 0,92).

Висновки

Виражена гіпертрофія аденоїдної тканини II–III ступеня у дітей 3–9 років асоційована з анаеробним дисбіозом мікробіому ротової порожнини та ротоглотки (зниження альфа-різноманітності, збагачення Prevotella, Fusobacterium, Parvimonas), що найбільш виражено при аномаліях прикусу. Ендоскопічна аденотомія сприяє частковій нормалізації мікробного складу та корелює з відновленням носового дихання. Виявлені біомаркери (Prevotella AUC=0,89; Fusobacterium+Parvimonas AUC=0,92) перспективні для моніторингу. Рекомендується включати оцінку мікробіому в комплексне обстеження дітей з ГАТ для індивідуалізованої корекції дисбіозу.

Таблиця 1. Мікробіомні характеристики у дітей з аденоїдною гіпертрофією залежно від наявності порушень прикусу

Показник	З порушеннями ЗЩС (n=14)	Без порушення ЗЩС (n=16)	p-value
Prevotella, %	21,3 ± 4,1	15,8 ± 3,7	0,014
Fusobacterium, %	11,6 ± 3,2	8,4 ± 2,5	0,028
Parvimonas, %	4,9 ± 1,8	2,7 ± 1,2	0,009
Haemophilus, %	10,2 ± 3,1	14,8 ± 3,9	0,041
Shannon index	3,12 ± 0,41	3,58 ± 0,36	0,018

Creative Commons «Attribution» 4.0

ISSN 2786-6661

Фінансування. Дане дослідження не отримало зовнішнього фінансування.

Конфлікт інтересів. Автори заявляють, що не мають фінансових, академічних чи особистих конфліктів інтересів, пов'язаних із публікацією цієї статті.

Згода на публікацію. Всі автори ознайомлені з текстом рукопису та надали згоду на його публікацію.

Етичне схвалення. Дослідження проведено відповідно до принципів Гельсінської декларації Всесвітньої медичної асоціації (остання редакція 2024 року) та чинного законодавства України щодо біоетичної експертизи клінічних досліджень. Матеріали дослідження, включно з дизайном, методами збору біоматеріалу (мазки з ротової порожнини та ротоглотки), критеріями включення/виключення учасників та процедурою ендоскопічної аденотомії, були розглянуті Комісією з питань біоетичної експертизи та етики наукових досліджень при Національному медичному університеті імені О.О. Богомольця. Згідно з Протоколом № 168 від 20 лютого 2023 року Комісія дійшла висновку, що: дослідження не містить підвищеного ризику для суб'єктів дослідження; відповідає існуючим біоетичним нормам та науковим стандартам проведення клінічних досліджень з залученням пацієнтів; у надісланих матеріалах присутня «Форма інформованої згоди»; запланований період проведення – 2022–2026 роки.

Використання ШІ. Автори використовували DeepL (DeepL SE, Кельн, Німеччина) для перекладу на англійську мову. Усі фрагменти, створені за допомогою ШІ, були перевірені авторами для забезпечення точності та достовірності.

Внесок авторів (CRediT). Conceptualization – Yuliia Dieieva. Methodology – Yuliia Dieieva. Software – Koshel Oryna. Validation – Yuliia Dieieva. Formal Analysis – Koshel Oryna. Investigation – Yuliia Dieieva. Resources – Koshel Oryna. Data Curation – Yuliia Dieieva. Writing – Original Draft Preparation – Koshel Oryna. Writing – Review & Editing – Koshel Oryna. Visualization – Koshel Oryna. Supervision – Yuliia Dieieva. Project Administration – Yuliia Dieieva. Funding Acquisition – Yuliia Dieieva.

Література

1. Sydorchuk L, Mikheiev A, Havryliuk O, Dziuriak V, Sydorchuk I. Osoblyvosti destabilizatsii mikrobiomu porozhnyny rota za lakunarnoi anhiny v ditei [Features of destabilization of the oral microbiome in children with lacunar angina]. Visnyk stomatolohii. 2022;118(1):97-102. doi: 10.35220/2078-8916-2022-43-1.17
2. Flis PS, Filonenko VV, Doroshenko NM. Chastota i poshyrenist anomalii ta deformatsii zubo-shchelepnoho aparatu v period zminnoho pryku-su [Frequency and prevalence of anomalies and deformities of the dentofacial apparatus during the mixed dentition period]. Ukrainskyi stomatolohichnyi almanakh. 2016;(1):75-8.
3. Shevchuk YuV, Didkovskyi VL, Rudakova VM. Osoblyvosti antybiotykorezystentnosti v ditei z Lor-patolohiieiu [Features of antibiotic resistance in children with ENT pathology]. Medytsyna ta farmatsiia: osvitni dyskursy. 2025;(3):84-90. doi: 10.32782/eddiscourses/2025-3-12
4. AlHarbi SG, Almushayt AS, Bamashmous S, Abujamel TS, Bamashmous NO. The oral microbiome of children in health and disease - a literature review. Front Oral Health. 2024;5:1477004. doi: 10.3389/froh.2024.1477004
5. Lin L, Zhao T, Qin D, Hua F, He H. The impact of mouth breathing on dentofacial development: a concise review. Front Public Health. 2022 Sep 8;10:929165. doi: 10.3389/fpubh.2022.929165
6. Liu W, Jiang H, Liu X, Zheng Y, Liu Y, Pan F, et al. Altered intestinal microbiota enhances adenoid hypertrophy by disrupting the immune balance. Front Immunol. 2023;14:1277351. doi: 10.3389/fimmu.2023.1277351
7. Park YJ, Oh C, Choi DH, Park J, Choi JK, Lee KE, et al. Association between the microbiomes of tonsil and saliva samples isolated from pediatric patients subjected to tonsillectomy for the treatment of tonsillar hypertrophy. Exp Mol Med. 2020;52(9):1564-73. doi: 10.1038/s12276-020-00487-6
8. Peng H, Liu W, Yang L, Yan P, Zhong W, Gao X, et al. Craniocervical posture in patients with skeletal malocclusion and its correlation with craniofacial morphology during different growth periods. Sci Rep. 2024 Mar 4;14(1):5280. doi: 10.1038/s41598-024-55840-w
9. Sokolovs-Karijs O, Brīvība M, Saksis R, Sumeraga G, Girotto F, Erts R, et al. An overview of adenoid microbiome using 16S rRNA gene sequencing-based metagenomic analysis. Medicina (Kaunas). 2022;58(7):920. doi: 10.3390/medicina58070920
10. Teng ZP, et al. Oropharyngeal microbiome in children with adenotonsillar hypertrophy and after adenotonsillectomy. Acta Otolaryngol. 2023;143(6):507-13. doi: 10.1080/00016489.2023.2219285
11. Sommer C, Holzgreve F, Groneberg DA, Erbe C, Ohlendorf D. Influence of functional orthodontic therapy on body posture and postural control in children and adolescents with Class II malocclusion. BMC Oral Health. 2025;26(1):212. doi: 10.1186/s12903-025-07574-y
12. Vukicevic V, Petrovic D. Relationship between head posture and parameters of sagittal position and length of jaws. Med Pregl. 2016 Sep;69(9-10):288-93. doi: 10.2298/mpns1610288v
13. Wang Y, et al. Characteristics of salivary microbiota in children with obstructive sleep apnea: a prospective study with polysomnography. Front Cell Infect Microbiol. 2022;12:945284. doi: 10.3389/fcimb.2022.945284
14. Xu H, Tian B, Shi W, Tian J, Zhang X, Zeng J, et al. A correlation study of the microbiota between oral cavity and tonsils in children with tonsillar hypertrophy. Front Cell Infect Microbiol. 2022;11:724142. doi: 10.3389/fcimb.2021.724142

Creative Commons «Attribution» 4.0

15. Xu Y, et al. Differences in salivary microbiome among children with tonsillar hypertrophy and/or adenoid hypertrophy. mSystems. 2024;9(10):e0096824. doi: 10.1128/msystems.00968-24
16. Różańska-Perlińska D, Potocka-Mitan M, Rydzik Ł, Lipińska P, Perliński J, Javdaneh N, et al. The correlation between malocclusion and body posture and cervical vertebral, podal system, and gait parameters in children: a systematic review. J Clin Med. 2024;13(12):3463. doi: 10.3390/jcm13123463

Features of changes in the oral microbiome in pediatric patients with pronounced adenoid tissue hypertrophy and associated complications of the dentoalveolar system

Orina Koshel[1], Yulia Dieieva[1, 2]

[1] Department of Otorhinolaryngology, Bogomolets National Medical University, Kyiv, Ukraine
[2] Sviato-Mykhailivska Clinical Hospital, Kyiv, Ukraine

Corresponding author:
Yuliia Dieieva
E-mail: deevanmu@gmail.com

Abstract: pronounced adenoid tissue hypertrophy (AAT) of II–III degree in children aged 3–9 years is one of the main causes of chronic mouth breathing, leading to dryness of the oral mucosa, changes in the pH environment, impaired colonization resistance, and the development of dysbiosis of the oral cavity and oropharynx microbiome. These changes are considered to be one of the possible mechanisms for the formation of anomalies of the dentoalveolar system (DAS), in particular open bite, class II malocclusion, and other craniofacial disorders, but their contribution and dynamics after removal of the obstruction remain insufficiently studied. The aim of the study was to evaluate the composition and diversity of the oral microbiome in children with severe stage II–III AAT associated with malocclusion compared to healthy children, as well as to track the dynamics of microbial changes 2 months after endoscopic adenotomy. Fifty children aged 3–9 years (mean age 5.8 ± 1.2 years) were examined: the main group consisted of 30 patients with clinically confirmed stage II–III AAT, chronic mouth breathing (>80% of the time and associated complications of the dentoalveolar system (DAS) (open bite or class II malocclusion according to cephalometry); the control group consisted of 20 healthy children without adenoid hypertrophy and complaints of breathing or bite problems. Material samples (smears from the oral cavity and oropharynx) were collected before surgery and 2 months after endoscopic adenotomy; 16S rRNA gene sequencing was performed, followed by analysis of alpha and beta diversity (Shannon, Simpson, Bray-Curtis, Jaccard, PERMANOVA indices), taxonomic composition at the genus level, LEfSe analysis (LDA > 3.0), and random forest for biomarker identification. Children with AAT showed a statistically significant decrease in alpha diversity (Shannon and Simpson, $p < 0.05$) and a clear separation of microbial profiles compared to the control group (PERMANOVA, $p < 0,05$), indicating pronounced dysbiosis. The main group was characterized by a significant enrichment of anaerobic genera: Prevotella (18.4 ± 4.2%), Fusobacterium (9.8 ± 2.9%), Parvimonas, as well as Lactobacillus and Bifidobacterium; particularly pronounced changes were observed in the subgroup with bite abnormalities (Prevotella 21.3 ± 4.1%, Fusobacterium 11.6 ± 3.2%, Parvimonas 4.9 ± 1.8%; $p < 0,05$). Haemophilus, Neisseria, and Veillonella dominated in the control group. After adenotomy, partial normalization of the microbial composition was noted: an increase in alpha diversity ($p < 0,05$), a decrease in the proportion of Prevotella and Fusobacterium, and an increase in Haemophilus, which correlated with clinical improvement (decreased mouth breathing, restoration of nasal breathing). LEfSe and random forest analysis identified a panel of dysbiosis biomarkers: Prevotella (AUC = 0.89), a combination of Fusobacterium + Parvimonas (AUC = 0.92). The data obtained confirm that pronounced adenoid hypertrophy in children is associated with anaerobic dysbiosis of the oral microbiome, which may play a role in the pathogenesis of DAS abnormalities against the background of prolonged mouth breathing. Endoscopic adenotomy contributes to the partial restoration of microbial balance and can be considered an important factor in the prevention and correction of DAS complications.

Keywords: Microbiota, Adenoids, Mouth Breathing, Malocclusion, Dysbiosis, Child

Copyright: © 2026 by the authors; licensee USMYJ, Kyiv, Ukraine.
This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).