

УДК: 618.15-008.87-092-078

DOI: 10.24412/2075-4094-2026-1-1-1

EDN ZTDPJM **



АНАЛИЗ ВЗАИМОСВЯЗИ МЕЖДУ СТРУКТУРОЙ МИКРОБИОМА ПОЛОСТИ РТА И ВАГИНАЛЬНОЙ МИКРОБИОТОЙ В ПЕРВОМ ТРИМЕСТРЕ БЕРЕМЕННОСТИ

С.С. НУРМАГОМЕДОВА, Э.А. АХМЕДОВА, А.Э. ЭСЕДОВА, П.М. БУДАЙЧИЕВА,
Г.М-А. БУДАЙЧИЕВ

ФГБОУ ВО «Дагестанский государственный медицинский университет»,
ул. Ленина, д. 1, г. Махачкала, 367000, Россия

Аннотация. Беременность сопровождается значительными иммунными и микробиомными перестройками, охватывающими различные анатомические зоны. Изучение межсистемных микробиомных связей, в частности между полостью рта и влагалищем, представляет собой перспективное направление для выявления предикторов гестационных осложнений. **Цель исследования** – оценить взаимосвязь между структурой микробиома полости рта и вагинальной микробиотой у женщин в первом триместре беременности. **Материалы и методы исследования.** В исследование включены 80 женщин с одноплодной беременностью сроком 6–13 недель. Проводилась пародонтологическая оценка (*PD*, *CAL*, *BOP*), а также сбор образцов поддесневой биоплёнки и вагинального содержимого. Микробный состав анализировали методом ампликонного секвенирования гена *16S r*РНК. Статистический анализ включал корреляции (Спирмен), *PERMANOVA* и регрессионное моделирование. **Результаты и их обсуждение.** Установлены значимые корреляции между анаэробными родами *Prevotella* и *Fusobacterium* в полости рта и обилием *Gardnerella vaginalis* и *Atopobium vaginae* во влагалищной среде. Обнаружена обратная связь между уровнем *Streptococcus* в ротовой полости и *Lactobacillus spp.* во влагалище. Женщины с признаками воспаления пародонта демонстрировали снижение доли *L. crispatus* и увеличение альфа-диверситета вагинальной микробиоты. **Выводы.** Выявленные межсистемные микробиомные взаимодействия проявляются уже в первом триместре беременности. Полученные корреляции не позволяют делать вывод о причинно-следственных связях, однако пародонтальный статус может рассматриваться как потенциальный косвенный индикатор состояния вагинального микробного гомеостаза, что открывает перспективы для дальнейших исследований и микробиомно-ориентированной профилактики гестационных осложнений.

Ключевые слова: микробиота полости рта, вагинальная микробиота, беременность, пародонтит, *Lactobacillus crispatus*, дисбиоз, *16S r*РНК.

ANALYSIS OF THE INTERRELATIONSHIP BETWEEN THE STRUCTURE OF THE ORAL MICROBIOME AND THE VAGINAL MICROBIOTA IN THE FIRST TRIMESTER OF PREGNANCY

S.S. NURMAGOMEDOVA, E.A. AKHMEDOVA, A.E. ESEDOVA, P.M. BUDAYCHIEVA,
G.M-A. BUDAYCHIEV

Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education
“Dagestan State Medical University”, 1 Lenin Street, Makhachkala, 367000, Russia

Abstract. Pregnancy is accompanied by significant immune and microbiome-related changes involving multiple anatomical sites. The study of intersystem microbiome interactions, particularly between the oral cavity and the vagina, represents a promising approach for identifying predictors of gestational complications. **The aim of the study** is to assess the relationship between the structure of the oral microbiome and the vaginal microbiota in women during the first trimester of pregnancy. **Materials and Methods.** The study included 80 women with singleton pregnancies at 6–13 weeks of gestation. Periodontal assessment (*PD*, *CAL*, *BOP*) was performed, along with collection of subgingival biofilm and vaginal samples. Microbial composition was analyzed using *16S r*RNA gene amplicon sequencing. Statistical analysis included Spearman correlation analysis, *PERMANOVA*, and regression modeling. **Results and Discussion.** Significant correlations were identified between anaerobic genera *Prevotella* and *Fusobacterium* in the oral cavity and the abundance of *Gardnerella vaginalis* and *Atopobium vaginae* in the vaginal environment. An inverse relationship was observed between oral *Streptococcus* levels and vaginal *Lactobacillus spp.* Women with signs of periodontal inflammation demonstrated a reduced proportion of *Lactobacillus crispatus* and an increased alpha diversity of the vaginal microbiota. **Conclusions.** The identified intersystem microbiome interactions are evident as early as the first trimester of pregnancy. Although the observed correlations do not allow conclusions regarding causal relationships, periodontal status may be considered a potential indirect indicator of vaginal microbial homeostasis, opening perspectives for further research and microbiome-oriented prevention of gestational complications.

Keywords: oral microbiota, vaginal microbiota, pregnancy, periodontitis, *Lactobacillus crispatus*, dysbiosis, *16S r*RNA.

Введение. Микробиота человека представляет собой сложную и высокоорганизованную экосистему, играющую ключевую роль в поддержании иммунного гомеостаза, барьерной функции слизистых оболочек и метаболических процессов [7]. В последние годы растёт интерес к изучению межрегиональных микробиомных взаимодействий, особенно в условиях беременности – состояния, сопровождающегося глубокой иммунной, гормональной и микробной перестройкой [2]. Период гестации связан с изменениями как локальных, так и системных микробиот, что может иметь клинические последствия для здоровья матери и плода [9]. Полость рта и влагалище представляют собой два критически важных микробных резервуара, каждый из которых оказывает значительное влияние на течение беременности. Изменения в составе оральной микробиоты, особенно при дисбиозе, ассоциированы с системной воспалительной активацией, транслокацией микробных компонентов и нарушением иммунной регуляции [8]. С другой стороны, вагинальная микробиота, преимущественно представленная лактобациллами, особенно *Lactobacillus crispatus*, считается важным биомаркером гестационной стабильности. Её дисбиотическая трансформация связана с повышением риска преждевременных родов и нарушением иммунного равновесия на слизистых оболочках [3]. Особое значение имеет первый триместр беременности, в течение которого происходят процессы плацентации, иммунной толерантности и формирования устойчивой микробной колонизации слизистых оболочек [5].

Значимость детального исследования вагинального микробиоценоза именно в первом триместре беременности подчёркивается и современными отечественными работами, которые показали особенности микробных нарушений у женщин группы риска по неразвивающейся беременности [1].

В этот период изменения как во влагалищной, так и в оральной среде могут оказаться критически важными для дальнейшего течения гестации. Однако несмотря на прогресс микробиомных исследований, взаимосвязь между микробиотой полости рта и вагинальной средой на ранних сроках беременности остаётся слабо изученной. В частности, отсутствуют клинические данные, описывающие возможные ассоциации между состоянием пародонта и структурой вагинального микробного сообщества в первом триместре.

Эти обстоятельства предопределяют актуальность изучения возможных микробиомных связей между полостью рта и влагалищем в начале беременности как потенциального подхода к выявлению предикторов нарушений локального гомеостаза и разработке микробиомно-ориентированной профилактики осложнений гестации.

Цель исследования – оценить взаимосвязь между структурой микробиома полости рта и вагинальной микробиотой у женщин в первом триместре беременности.

Материал и методы исследования. Настоящее исследование представляет собой одноцентровое проспективное обсервационное исследование, проведённое в университетской клинике на базе акушерско-гинекологического и стоматологического отделений в период с января 2023 по июнь 2024 года. В него были включены 80 женщин на сроке гестации от 6 до 13 недель, соответствующем первому триместру беременности.

Размер выборки определялся априорным расчетом мощности с использованием программы *G*Power 3.1*. Согласно опубликованным данным о различиях в относительном обилии *Lactobacillus crispatus* между женщинами с разной степенью воспаления пародонта [4], при ожидаемом размере эффекта ($d = 0,7$), уровне значимости $\alpha = 0,05$ и мощности 80% ($1-\beta = 0,80$), минимально необходимый объём выборки составлял 68 человек. Таким образом, фактическое включение 80 участниц обеспечивало требуемую статистическую мощность для основных сравнительных анализов.

Все участницы подписали добровольное информированное согласие после получения полной информации об условиях и целях исследования. **Критерии включения** предусматривали возраст от 18 до 40 лет, одноплодную беременность, отсутствие системных воспалительных, онкологических и эндокринных заболеваний, хронических инфекций, а также отказ от антибактериальной терапии и использования местных антисептиков за 30 дней до участия. **Критерии исключения:** женщины с признаками угрозы прерывания беременности, активными гинекологическими инфекциями, табакокурением и тяжёлым пародонитом.

Клиническое обследование включало сбор анамнеза, физикальный осмотр, гинекологическое и стоматологическое обследование. Отягощённый гинекологический анамнез определялся как наличие ранее перенесённых воспалительных заболеваний органов малого таза, репродуктивных потерь (самопроизвольные аборты, преждевременные роды), нарушений менструального цикла или инфекций, передающихся половым путём. Отягощённый стоматологический анамнез включал наличие ранее диагностированного гингивита, пародонтита или эпизодов удаления зубов по воспалительным причинам, зафиксированных по данным опроса или медицинской документации. Пародонтологическая оценка проводилась с использованием индексов глубины *пародонтального кармана (PD)*, уровня *клинического прикрепления (CAL)* и *кровоточивости при зондировании (BOP)* в соответствии с международными рекомендациями. Образцы для микробиологического анализа брались с вестибулярной стороны моляров нижней челюсти (поддесневая биоплёнка) и из заднего свода влагалища. Образцы микробиоты полости

рта (поддесневая биоплёнка с вестибулярной поверхности моляров нижней челюсти) и влагиалищного содержимого собирались в утренние часы до приёма пищи и проведения любых процедур. Материал помещался в пробирки с раствором для стабилизации ДНК и транспортировался в лабораторию при температуре +4 °C в течение двух часов. Выделение микробной ДНК проводилось с использованием набора *DNeasy PowerSoil Kit* (QIAGEN, Германия) в соответствии с инструкцией производителя. Концентрация и чистота ДНК оценивались с применением спектрофотометрии (*NanoDrop 2000*, Thermo Scientific, США) и флуориметрии (*Qubit 4.0*, Thermo Fisher Scientific, США). Анализ микробного состава проводился методом ампликонного секвенирования участка гена *16S* рРНК (V3–V4) с использованием парных прочтений. Биоинформатическая обработка включала фильтрацию, денойсинг, построение операционных таксономических единиц и их классификацию с использованием валифицированной базы данных. Для статистического анализа применялись методы оценки нормальности распределения (тест Шапиро-Уилка), сравнение групп с использованием *t*-критерия или критерия Манна-Уитни, анализ различий в бета-диверситете с помощью *PERMANOVA*, корреляционный анализ (коэффициент Спирмена), а также мультивариантный регрессионный анализ для контроля смешивающих факторов, таких как возраст, индекс массы тела, срок гестации и степень воспаления пародонта. Значимые различия учитывались при уровне $p < 0,05$.

Результаты и их обсуждение. Участницы исследования представляли собой однородную когорту женщин в первом триместре беременности, без выраженных соматических патологий. Возрастной диапазон находился в пределах репродуктивной нормы, а гестационные сроки соответствовали критериям ранней беременности. Индекс массы тела большинства участниц находился в пределах физиологических колебаний. Доля женщин с отягощённым стоматологическим или гинекологическим анамнезом была умеренной, что позволяло провести анализ без существенных искажений, связанных с предшествующими хроническими заболеваниями (табл. 1).

Таблица 1

Клинические характеристики исследуемой когорты ($n = 80$)

Показатель	Среднее значение	Стандартное отклонение
Возраст (лет)	28.6	4.2
Гестационный срок (недели)	10.1	2.3
Индекс массы тела (кг/м ²)	24.7	3.6
Отягощенный стоматологический анамнез (%)	35.0	–
Отягощенный гинекологический анамнез (%)	22.5	–

Преобладание женщин с нормальной массой тела и ранним сроком гестации отражает тщательно отобранную выборку, соответствующую требованиям дизайна. Наличие у части участниц отягощенного стоматологического и гинекологического анамнеза подтверждает целесообразность дальнейшего анализа влияния этих факторов на микробиомные параметры и позволяет трактовать выявленные микробные особенности в пределах физиологической нормы без избыточного вмешательства системных патологий.

Таблица 2

Показатели пародонтального статуса участниц

Показатель	Среднее значение	Стандартное отклонение
CAL (мм)	2.1	0.7
PD (мм)	2.6	0.9
BOP (%)	28.3	11.6
Участницы без признаков воспаления (%)	41.2	–
Участницы с гингивитом (%)	43.8	–
Участницы с начальным пародонтитом (%)	15.0	–

При анализе стоматологического статуса выявлено, что значительная доля женщин демонстрировала признаки воспаления пародонта, включая кровоточивость при зондировании и умеренное повышение клинической глубины карманов. Несмотря на то что средние значения *CAL* и *PD* не превышали по-

рогов, соответствующих тяжёлым формам пародонтита, у значительного числа участниц регистрировались признаки гингивита. Доля женщин с отсутствием воспалительных проявлений была сопоставима с числом пациенток с гингивитом, тогда как начальные признаки пародонтита встречались реже, но были клинически значимы (табл. 2).

Полученные данные демонстрируют широкое распределение уровней воспалительных изменений, что обеспечивает надёжную основу для последующего анализа микробиологических взаимосвязей. Функциональные изменения тканей пародонта, подтверждённые индексами *CAL* и *BOP*, коррелируют с клинической картиной гингивита, тогда как относительно низкие значения *PD* могут свидетельствовать об ограниченности патологического процесса.

В микробиоте полости рта наблюдался выраженный уровень разнообразия, отражённый показателями альфа-диверситета, который оставался в пределах умеренно высокой устойчивости микробного сообщества. Основу микробного профиля составляли представители родов *Streptococcus*, *Prevotella* и *Fusobacterium*, демонстрируя вариативность количественного распределения между участницами. Значения бета-диверситета указывали на наличие межиндивидуальных различий в составе микробных сообществ, однако без выхода за рамки типичных структур, характерных для данной анатомической области. Структура микробиома демонстрировала умеренно стабильный доминирующий профиль, сопровождающийся индивидуальными вариациями, отражающими особенности орального гомеостаза у беременных (табл. 3).

Таблица 3

Состав микробиома полости рта у беременных женщин

Показатель	Среднее значение	Стандартное отклонение
Альфа-диверситет (индекс Шеннона)	2.8	0.5
Бета-диверситет (<i>Bray-Curtis</i>)	0.42	0.08
Относительное обилие <i>Streptococcus</i> (%)	38.7	10.2
Относительное обилие <i>Prevotella</i> (%)	21.3	8.5
Относительное обилие <i>Fusobacterium</i> (%)	12.6	5.7

Доминирование *Streptococcus* в подавляющем большинстве образцов согласуется с ожидаемой комменсальной природой данного рода и подтверждает функциональную стабильность микробиоты в условиях физиологической беременности. Повышенное присутствие *Prevotella* и *Fusobacterium* в ряде случаев может указывать на локальное воспаление или изменение окислительно-восстановительных условий в ротовой полости. Значения бета-диверситета указывали на наличие межиндивидуальных различий в составе микробных сообществ, однако без выхода за рамки типичных структур, характерных для данной анатомической области.

Микробиота влагалища характеризовалась доминированием представителей рода *Lactobacillus*, в частности видов *L. crispatus* и *L. iners*, с сохранением типичной структуры, присущей состоянию микробной стабильности в раннем сроке беременности. Наряду с этим у части участниц выявлялось умеренное количественное присутствие условно-патогенных таксонов, включая *Gardnerella vaginalis* и *Atopobium vaginae*. Альфа-диверситет микробного сообщества демонстрировал ограниченное разнообразие, соответствующее нормоценозу, однако в ряде случаев наблюдалось его увеличение, что могло свидетельствовать о начальных признаках дисбиотических изменений.

Таблица 4

Показатели вагинального микробиома у беременных женщин

Показатель	Среднее значение	Стандартное отклонение
Альфа-диверситет (индекс Шеннона)	1.9	0.4
Относительное обилие <i>Lactobacillus crispatus</i> (%)	46.2	14.8
Относительное обилие <i>Lactobacillus iners</i> (%)	24.5	10.2
Обилие <i>Gardnerella vaginalis</i> (%)	12.7	6.4
Обилие <i>Atopobium vaginae</i> (%)	8.3	4.1

Структура вагинальной микробиоты в целом соответствовала паттерну нормальной беременности, однако вариативность между участницами указывала на существование микробных профилей, потенциально предрасположенных к трансформации в направлении бактериального вагиноза или воспалительных состояний. Обилие *Lactobacillus crispatus* оставалось ведущим компонентом у большинства женщин, тогда как увеличение доли *L. iners* и условно-патогенных бактерий выявлялось у тех участниц, у которых ранее были зафиксированы клинические признаки воспаления в полости рта (табл. 4, 5).

Корреляционный анализ между микробиомами полости рта и влагалища позволил выявить статистически значимые ассоциации между определёнными бактериальными таксонами в обеих анатомических зонах. Следует отметить, что выявленные связи представляют собой корреляции, не предполагающие причинно-следственной направленности, и отражают статистические ассоциации между уровнями бактериальных таксонов в двух анатомических зонах. Участницы, у которых наблюдалось повышенное обилие анаэробных родов *Prevotella* и *Fusobacterium* в ротовой полости, демонстрировали сопутствующее увеличение численности *Gardnerella vaginalis* и *Atopobium vaginae* во влагалищной микробиоте. При этом выраженность положительных корреляций варьировалась от умеренной до сильной, сопровождаясь достоверными значениями r . Напротив, между уровнем *Streptococcus* в полости рта и численностью *Lactobacillus spp.* во влагалище была установлена отрицательная корреляция, что может указывать на наличие потенциального микробного противовеса между условно-патогенными и защитными видами.

Таблица 5

Корреляции между бактериальными таксонами микробиома полости рта и влагалища

Сравниваемые таксоны	Коэффициент корреляции Спирмена	P -значение
<i>Prevotella</i> (полость рта) – <i>Gardnerella</i> (влагалище)	0.41	0.002
<i>Fusobacterium</i> (полость рта) — <i>Atopobium</i> (влагалище)	0.36	0.009
<i>Streptococcus</i> (полость рта) — <i>Lactobacillus</i> (влагалище)	-0.32	0.015

Выявленные ассоциации свидетельствуют о наличии системных микробиомных связей между двумя физиологически удалёнными экосистемами. Прямая корреляция между оральными анаэробами и вагинальными условно-патогенными бактериями может отражать общие механизмы микробного сдвига, опосредованные воспалением, гормональными влияниями или транслокацией микробных метаболитов. Негативная связь между обилием *Streptococcus* и *Lactobacillus* указывает на возможность антагонистических взаимодействий или конкуренции за ресурсы в рамках системного иммунного контроля. Вместе с тем, нельзя исключать участие более сложных системных механизмов, опосредующих межрегиональные микробиомные взаимодействия. Современные данные показывают, что локальные воспалительные процессы в полости рта способны приводить к системному повышению уровней провоспалительных цитокинов и гуморальных факторов, оказывающих влияние на иммунную регуляцию в других анатомических зонах, в том числе во влагалище [8]. Также рассматривается возможность бактериальной транслокации — проникновения микробных компонентов или метаболитов в системный кровоток, что способствует изменению баланса микробиоты на отдалённых слизистых оболочках. Хроническое воспаление и связанная с ним иммунная модуляция способны поддерживать дисбиотические процессы за счёт воздействия как гуморальных, так и клеточных медиаторов [7]. Подобные системные механизмы могут объяснять выявленные в нашем исследовании ассоциации между микробиомом полости рта и вагинальной микробиотой у беременных женщин.

Анализ взаимосвязи между выраженностью воспалительных изменений в тканях пародонта и структурой вагинальной микробиоты выявил чёткую зависимость между состоянием оральной среды и составом вагинального микробного сообщества. Участницы, не имевшие признаков воспаления пародонта, демонстрировали вагинальный микробиом, преимущественно представленный *Lactobacillus crispatus*, сопровождающийся низким уровнем альфа-диверситета и минимальным присутствием условно-патогенных микроорганизмов. Напротив, у женщин с клинически верифицированным гингивитом и особенно с начальными признаками пародонтита наблюдалось снижение доли *L. crispatus*, одновременное увеличение обилия *Gardnerella vaginalis*, а также рост микробного разнообразия, что свидетельствует о переходе к менее стабильному, дисбиотическому типу микробиоты (табл. 6).

Сравнение вагинальной микробиоты у женщин с различной степенью пародонтального воспаления

Группа	Обилие <i>Lactobacillus crispatus</i> (%)	Обилие <i>Gardnerella vaginalis</i> (%)	Альфа-диверситет (индекс Шеннона)
Без воспаления	54.3	8.4	1.7
Гингивит	42.1	13.5	2.0
Начальный пародонтит	36.5	16.8	2.2

С клинической точки зрения, снижение относительного обилия *L. crispatus* у женщин с признаками пародонтального воспаления может рассматриваться как ранний маркер нарушения микробной устойчивости во влагалищной среде. Тем не менее, у большинства участниц показатели *L. crispatus* и альфа-диверситета оставались в диапазоне, соответствующем состоянию нормоценоза, что позволяет трактовать выявленные изменения как умеренно выраженные и не всегда достигающие уровня клинически значимого дисбиоза. Следовательно, хотя выявленные микробные сдвиги статистически значимы, их клиническая интерпретация требует дальнейших исследований с учетом пороговых значений дисбиоза и оценки связи с риском гестационных осложнений.

Данные таблицы подтверждают, что даже умеренные воспалительные процессы в полости рта сопровождаются микробиологическими сдвигами во влагалищной среде, имеющими характер системной ассоциации. Повышение альфа-диверситета у женщин с гингивитом и начальным пародонтитом отражает переход к более гетерогенному микробному сообществу, характерному для нарушенной вагинальной устойчивости. Снижение уровня *L. crispatus* и усиление обилия *G. vaginalis* при наличии воспаления в пародонте подтверждают возможность использования стоматологического статуса как непрямого маркера дисбиотических процессов в других анатомических зонах.

Результаты настоящего исследования продемонстрировали наличие достоверной взаимосвязи между микробиотой полости рта и вагинальной микробиотой у женщин в первом триместре беременности. Полученные данные подтверждают, что состояние пародонта и микробная структура оральной среды могут отражаться на составе вагинального микробного сообщества, в том числе на обилии ключевых таксонов, таких как *Lactobacillus crispatus*, *Gardnerella vaginalis* и *Atopobium vaginae*. Такие результаты подчеркивают значимость межсистемных микробиомных взаимодействий в условиях физиологической беременности и позволяют рассматривать микробиоту полости рта как потенциальный маркер системного микробного статуса. Участницы с признаками гингивита и начального пародонтита демонстрировали изменение структуры вагинальной микробиоты в направлении умеренной дисбиотической трансформации. В частности, снижалась доля облигатных лактофильных видов, сопровождаемая увеличением вагинального альфа-диверситета и ростом условно-патогенных бактерий. Эти наблюдения согласуются с теорией микробной синхронизации на слизистых поверхностях и возможной транссистемной регуляции иммунного микроклимата во время беременности. Корреляционный анализ показал значимые связи между *Prevotella* и *Gardnerella*, а также между *Fusobacterium* и *Atopobium*, что может свидетельствовать о существовании микробных паттернов, предрасположенных к системному воспалительному фону. Наличие отрицательной корреляции между *Streptococcus* в полости рта и *Lactobacillus spp.* во влагалище указывает на возможные антагонистические механизмы, которые пока недостаточно изучены, но заслуживают дальнейшего внимания. Сравнение полученных результатов с предыдущими исследованиями подтверждает их научную обоснованность. По данным *Nori* и соавт., [6], вагинальный микробиом у здоровых женщин репродуктивного возраста характеризуется низким альфа-диверситетом и доминированием *Lactobacillus crispatus*, что соответствует микробному профилю у участниц с отсутствием признаков воспаления пародонта. Исследование *Fettweis* и соавт., [4] также показало, что микробные сдвиги с уменьшением доли лактобацилл и ростом условно-патогенных бактерий ассоциированы с повышенным риском преждевременных родов, что подчеркивает системное значение вагинального микробиома. Таким образом, выявленные связи между пародонтальным статусом и вагинальной микробиотой в раннем сроке гестации могут рассматриваться как дополнительный биомаркер нарушений локального гомеостаза. В отличие от предыдущих исследований, сосредоточенных преимущественно на исходах беременности, настоящее исследование акцентирует внимание на структуре микробных сообществ, расширяя рамки микробиомного анализа и открывая новые перспективы для междисциплинарной диагностики. С научной точки зрения результаты демонстрируют важность рассмотрения микробиоты как взаимосвязанной системы, охватывающей анатомически удаленные, но иммунологически сопряженные участки. Установление таких связей позволяет формировать более комплексное представление о микробной гомеостазе в период беременности и рассматривать полость рта не как изолированную зону, а как индикатор системного мик-

робиомного баланса. На практике это может трансформироваться в развитие новых скрининговых стратегий, в которых оценка оральной микробиоты будет применяться для раннего выявления женщин с повышенным риском микробных нарушений во влагалищной среде и потенциально – осложнений беременности.

Тем не менее, исследование имеет ряд ограничений. Прежде всего, отсутствие контрольной группы (например, небеременных женщин или женщин на более поздних сроках гестации) не позволяет утверждать о динамике микробных связей во времени. Также важно учитывать, что исследование носило кросс-секционный характер, а следовательно, не может установить причинно-следственные отношения между микробиомами. Объем выборки, хотя и достаточен для статистического анализа, может ограничивать возможности генерализации результатов. Кроме того, не проводилась оценка локальных иммунных параметров, которые могли бы углубить интерпретацию выявленных микробиомных изменений. Ещё одним аспектом, заслуживающим обсуждения, является отсутствие стратификации по *CST (community state types)* вагинальной микробиоты, что могло бы придать дополнительную глубину микробиому профилированию.

Следует отдельно отметить, что при анализе результатов не учитывались потенциальные смешивающие факторы, такие как сексуальная активность, особенности гигиены полости рта и влагалища, диета и этническая принадлежность, способные оказывать влияние на микробиомные характеристики. Кроме того, не применялась поправка на множественные сравнения при оценке корреляций, что может повышать вероятность ложноположительных результатов. Еще одним ограничением является отсутствие данных об исходах беременности, что не позволяет оценить связь выявленных микробных сдвигов с клиническими осложнениями.

Несмотря на указанные ограничения, настоящее исследование открывает перспективные направления для будущих работ. Продольные исследования с мультицентровым дизайном, включающие динамическое наблюдение за микробиомами в течение всей беременности, позволят лучше понять временные закономерности и потенциал предикции неблагоприятных исходов. Включение данных об иммунных маркерах, гормональных уровнях и микробных метаболитах обеспечит более комплексную интерпретацию выявленных паттернов. Особый интерес представляет использование орального микробиома как доступного и неинвазивного биомаркера для оценки вагинального статуса, что может быть внедрено в клиническую практику в рамках мультидисциплинарного подхода к ведению беременности.

Таким образом, представленное исследование вносит вклад в понимание микробных взаимодействий между полостью рта и вагинальной средой в критический период ранней беременности. Установленные микробиомные связи подчеркивают необходимость дальнейшего изучения межсистемных взаимодействий в человеческом организме и открывают возможности для разработки новых диагностических и прогностических стратегий в перинатальной медицине.

Заключение. Установленная в ходе настоящего исследования ассоциация между состоянием микробиоты полости рта и структурой вагинального микробного сообщества в первом триместре беременности свидетельствует о наличии системных микробиомных взаимосвязей. Следует отметить, что выявленные корреляции не свидетельствуют о наличии причинно-следственной связи, и пародонтальный статус может рассматриваться лишь как потенциальный индикатор микробного баланса в репродуктивной системе. Полученные данные требуют подтверждения в дальнейших многоцентровых и продольных исследованиях, а также дополнительного изучения их клинической значимости. Наши результаты могут послужить основой для будущих работ, направленных на разработку междисциплинарных стратегий ранней диагностики и микробиомно-ориентированной профилактики в акушерско-гинекологической практике.

Конфликт интересов. Авторы заявляли об отсутствии конфликта интересов.

Литература

1. Хабаров С. В. Микробиоценоз влагалища в первом триместре беременности у женщин с неразвивающейся беременностью в исходе ЭКО. Тезисы V Юбилейного национального конгресса с международным участием ЛАБРИН'24, Москва, 23–27 сентября 2024 г. // Акушерство и гинекология. 2024. № 9-1(прил.). С. 15–16.
2. Berry A.S.F., Pierdon M.K., Misic A.M., Sullivan M.C., O'Brien K., Chen Y., Murray S.J., Ramharack L.A., Baldassano R.N., Parsons T.D., Beiting D.P. Remodeling of the maternal gut microbiome during pregnancy is shaped by parity. // *Microbiome*. 2021. № 9(1). P. 146. doi: 10.1186/s40168-021-01089-8.
3. Dong W., Wang S., Wang X., Xu G., Liu Q., Li Z., Lv N., Pan Y., Xiong Q., Liu D., Zhu B. Characteristics of vaginal microbiota of women of reproductive age with infections. // *Microorganisms*. 2024. № 12(5). P. 1030. doi: 10.3390/microorganisms12051030.

4. Fettweis J.M., Serrano M.G., Brooks J.P., Edwards D.J., Girerd P.H., Parikh H.I., Huang B., Arodz T.J., Edupuganti L., Glascock A.L., et al. The vaginal microbiome and preterm birth. // *Nat Med*. 2019. № 25(6). P. 1012–1021. doi: 10.1038/s41591-019-0450-2.
5. Li X., Zhou J., Fang M., Yu B. Pregnancy immune tolerance at the maternal–fetal interface. // *Int Rev Immunol*. 2020. № 39(6). P. 247–263. doi: 10.1080/08830185.2020.1777292.
6. Nori S.R.C., Walsh C.J., McAuliffe F.M., Moore R.L., Van Sinderen D., Feehily C., Cotter P.D. Strain-level variation among vaginal *Lactobacillus crispatus* and *Lactobacillus iners* as identified by comparative metagenomics. // *NPJ Biofilms Microbiomes*. 2025. № 11(1). P. 49. doi: 10.1038/s41522-025-00682-1.
7. Ullah H., Arbab S., Tian Y., Chen Y., Liu C.Q., Li Q., Li K. Crosstalk between gut microbiota and host immune system and its response to traumatic injury. // *Front Immunol*. 2024. № 15. P. 1413485. doi: 10.3389/fimmu.2024.1413485.
8. Xu B., Han Y.W. Oral bacteria, oral health, and adverse pregnancy outcomes. // *Periodontol 2000*. 2022. № 89(1). P. 181–189. doi: 10.1111/prd.12436.
9. Yang H., Guo R., Li S., Liang F., Tian C., Zhao X., Long Y., Liu F., Jiang M., Zhang Y., Ma J., Peng M., Zhang S., Ye W., Gan Q., Zeng F., Mao S., Liang Q., Ma X., Han M., Gao F., Yang R., Zhang C., Xiao L., Qin J., Li S., Zhu C. Systematic analysis of gut microbiota in pregnant women and its correlations with individual heterogeneity. // *NPJ Biofilms Microbiomes*. 2020. № 6(1). P. 32. doi: 10.1038/s41522-020-00142-y

References

1. Khabarov SV. Mikrobiotsenoz vlagalishcha v pervom trimestre beremennosti u zhenshchin s nerazvivayushcheysya beremennost'yu v iskhode EKO [Vaginal microbiocenosis in the first trimester of pregnancy in women with non-developing pregnancy after IVF outcome]. Abstracts of the V Jubilee National Congress with International Participation “LABRiN’24”, Moscow, 23–27 September 2024. *Akusherstvo i Ginekologiya (Obstetrics and Gynecology)*. 2024;9-1(Suppl.):15-16. Russian.
2. Berry ASF, Pierdon MK, Misic AM, Sullivan MC, O’Brien K, Chen Y, Murray SJ, Ramharack LA, Baldassano RN, Parsons TD, Beiting DP. Remodeling of the maternal gut microbiome during pregnancy is shaped by parity. *Microbiome*. 2021;9(1):146.
3. Dong W, Wang S, Wang X, Xu G, Liu Q, Li Z, Lv N, Pan Y, Xiong Q, Liu D, Zhu B. Characteristics of vaginal microbiota of women of reproductive age with infections. *Microorganisms*. 2024;12(5):1030.
4. Fettweis JM, Serrano MG, Brooks JP, Edwards DJ, Girerd PH, Parikh HI, Huang B, Arodz TJ, Edupuganti L, Glascock AL, et al. The vaginal microbiome and preterm birth. *Nat Med*. 2019;25(6):1012-1021.
5. Li X, Zhou J, Fang M, Yu B. Pregnancy immune tolerance at the maternal–fetal interface. *Int Rev Immunol*. 2020;39(6):247-263.
6. Nori SRC, Walsh CJ, McAuliffe FM, Moore RL, Van Sinderen D, Feehily C, Cotter PD. Strain-level variation among vaginal *Lactobacillus crispatus* and *Lactobacillus iners* as identified by comparative metagenomics. *NPJ Biofilms Microbiomes*. 2025;11(1):49.
7. Ullah H, Arbab S, Tian Y, Chen Y, Liu CQ, Li Q, Li K. Crosstalk between gut microbiota and host immune system and its response to traumatic injury. *Front Immunol*. 2024;15:1413485.
8. Xu B, Han YW. Oral bacteria, oral health, and adverse pregnancy outcomes. *Periodontol 2000*. 2022;89(1):181-189.
9. Yang H, Guo R, Li S, Liang F, Tian C, Zhao X, Long Y, Liu F, Jiang M, Zhang Y, Ma J, Peng M, Zhang S, Ye W, Gan Q, Zeng F, Mao S, Liang Q, Ma X, Han M, Gao F, Yang R, Zhang C, Xiao L, Qin J, Li S, Zhu C. Systematic analysis of gut microbiota in pregnant women and its correlations with individual heterogeneity. *NPJ Biofilms Microbiomes*. 2020;6(1):32.

Библиографическая ссылка:

Нурмагомедова С.С., Ахмедова Э.А., Эседова А.Э., Будайчиева П.М., Будайчиев Г.М.-А. Анализ взаимосвязи между структурой микробиома полости рта и вагинальной микробиотой в первом триместре беременности // Вестник новых медицинских технологий. Электронное издание. 2026. №1. Публикация 1-1. URL: <http://www.vnmt.ru/Bulletin/E2026-1/1-1.pdf> (дата обращения: 12.01.2026). DOI: 10.24412/2075-4094-2026-1-1-1. EDN ZTDPJM*

Bibliographic reference:

Nurmagomedova SS, Akhmedova EA, Esedova AE, Budaychieva PM, Budaychiev GMA. Analiz vzaimosvyazi mezhdu strukturoj mikrobioma polosti rta i vaginal'noj mikrobiotoj v pervom trimestre beremennosti [Analysis of the interrelationship between the structure of the oral microbiome and the vaginal microbiota in the first trimester of pregnancy]. *Journal of New Medical Technologies, e-edition*. 2026 [cited 2026 Jan 12];1 [about 8 p.]. Russian. Available from: <http://www.vnmt.ru/Bulletin/E2026-1/1-1.pdf>. DOI: 10.24412/2075-4094-2026-1-1-1. EDN ZTDPJM

* номера страниц смотреть после выхода полной версии журнала: URL: <http://www.vnmt.ru/Bulletin/E2026-1/e2026-1.pdf>

**идентификатор для научных публикаций EDN (eLIBRARY Document Number) будет активен после загрузки полной версии журнала в eLIBRARY