Sanitas
Revista arbitrada de ciencias de la salud
Vol. 5(3), 77–83, 2026
https://doi.org/10.62574/gvjcz610

Microbioma vaginal y riesgo de parto pretérmino: revisión de la evidencia

Vaginal microbiome and risk of preterm birth: a review of the evidence

Andreina Nayarid Vargas-Guerrero
andreinavg41@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0000-5453-1921

Sahian Esmeralda Suárez-Meneses
sayansm01@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0002-2069-7346

Joselyn Dayana Aucanshala-Hidalgo
joselynah00@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0009-1465-0788

RESUMEN

Objetivo: analizar la evidencia sobre la relación entre la composición del microbioma vaginal y el riesgo de parto pretérmino espontáneo. **Método:** estudio documental descriptivo basado en 15 documentos indexados en PubMed, SciELO y la Biblioteca Cochrane, publicados entre 2007 y 2024. **Resultados:** el predominio de *Lactobacillus crispatus* se asoció de forma consistente con menor riesgo de parto pretérmino; en cambio, las comunidades pobres en lactobacilos, el predominio de *L. iners* y taxones como *Gardnerella vaginalis*, BVAB1 y *Sneathia amnii* se asociaron con mayor riesgo; la asociación varió según la ascendencia y se modificó por la respuesta inmunitaria local; la disbiosis precedió a la rotura prematura de membranas en el 27 % de los casos; los probióticos no han demostrado reducir el parto pretérmino. **Conclusiones:** el microbioma vaginal es un marcador prometedor de riesgo, pero su aplicación clínica aún requiere validación.

Descriptores: microbiota; nacimiento prematuro; vaginosis bacteriana. (DeCS).

ABSTRACT

Objective: to analyze the evidence on the relationship between vaginal microbiome composition and the risk of spontaneous preterm birth. **Method:** descriptive documentary study based on 15 documents indexed in PubMed, SciELO and the Cochrane Library, published between 2007 and 2024. **Results:** dominance of *Lactobacillus crispatus* was consistently associated with lower preterm birth risk, whereas *Lactobacillus*-poor communities, *L. iners* dominance and taxa such as *Gardnerella vaginalis*, BVAB1 and *Sneathia amnii* were associated with higher risk; the association varied by ancestry and was modified by the local immune response; dysbiosis preceded preterm prelabour rupture of membranes in 27% of cases; probiotics have not been shown to reduce preterm birth. **Conclusions:** the vaginal microbiome is a promising risk marker, but its clinical application still requires validation.

Descriptors: microbiota; premature birth; vaginosis bacterial. (DeCS).

Recibido: 05/07/2026. Revisado: 06/08/2026. Aprobado: 12/08/2026. Publicado: 01/10/2026.

Original breve

INTRODUCCIÓN

El parto pretérmino, definido como el nacimiento antes de las 37 semanas, afectó al 9,9 % de los nacidos vivos del mundo en 2020 y se mantiene como la principal causa de mortalidad neonatal (1). Entre sus mecanismos, la infección bacteriana ascendente desde el tracto genital inferior ocupa un lugar central, y el desarrollo de técnicas de secuenciación ha permitido caracterizar con precisión las comunidades microbianas vaginales.

Ravel et al., en 396 mujeres asintomáticas de cuatro grupos étnicos, describieron cinco tipos de comunidad (*community state types*, CST): cuatro dominados por especies de *Lactobacillus* y uno, el CST IV, con escasos lactobacilos y diversidad de anaerobios. En ese estudio, el pH vaginal fue mayor en mujeres hispanas (5,0) y negras (4,7) que en asiáticas (4,4) y blancas (4,2) (2). Los lactobacilos producen ácido láctico, que acidifica el medio e inhibe a los microorganismos asociados con infección; la disbiosis, caracterizada por el sobrecrecimiento de anaerobios, se asocia con desenlaces reproductivos adversos (3).

Durante el embarazo, la microbiota vaginal se vuelve más estable y enriquecida en *L. crispatus*, *L. jensenii*, *L. gasseri* y *L. vaginalis* que en las mujeres no gestantes (4). Serrano et al. observaron que este desplazamiento hacia perfiles dominados por lactobacilos ocurre temprano en la gestación y solo fue significativo en mujeres de ascendencia africana o hispana (5). En tal sentido, el presente trabajo se propuso analizar la evidencia sobre la relación entre la composición del microbioma vaginal y el riesgo de parto pretérmino espontáneo.

MÉTODO

Se desarrolló un estudio documental y descriptivo. Para ello, se consultaron PubMed, SciELO y la Biblioteca Cochrane con los descriptores Microbiota, Nacimiento Prematuro y Vaginosis Bacteriana, en español e inglés. Se incluyeron

estudios de cohorte y de casos y controles con técnicas de secuenciación, revisiones sistemáticas con metaanálisis y revisiones narrativas de autoría identificable. En cambio, se excluyeron páginas institucionales sin autores, tesis, revistas no indexadas y estudios en animales o sobre poblaciones no gestantes cuando no aportaban al objetivo. En consecuencia, el corpus quedó integrado por 15 documentos publicados entre 2007 y 2024, organizados en tres ejes: composición microbiana y riesgo, modificadores de la asociación e intervenciones.

RESULTADOS

Composición microbiana y riesgo. DiGiulio et al., en 49 gestantes de las cuales 15 tuvieron parto pretérmino, encontraron que la prevalencia del CST IV se correlacionó inversamente con la edad gestacional al nacer. El riesgo fue más marcado cuando este tipo de comunidad se acompañaba de abundancia elevada de *Gardnerella* o *Ureaplasma* (6). Callahan et al. analizaron 2179 muestras de dos cohortes, una de bajo riesgo predominantemente caucásica y otra de alto riesgo predominantemente afroamericana. En ambas, *L. crispatus* se asoció con bajo riesgo de parto pretérmino, a diferencia de *L. iners*, y un clado subespecífico de *G. vaginalis* explicó la asociación de ese género (7).

En una cohorte de 2000 gestantes, Elovitz et al. compararon 107 casos de parto pretérmino espontáneo con 432 partos a término e identificaron siete taxones asociados con mayor riesgo, con un efecto más intenso en mujeres afroamericanas (8). Fettweis et al., con 45 partos pretérmino y 90 controles a término, mayoritariamente de ascendencia africana, hallaron que quienes parieron antes de término tenían menos *L. crispatus* y más BVAB1, *Sneathia amnii*, TM7-H1 y un grupo de especies de *Prevotella*, junto con perfiles de citocinas proinflamatorias (9). En 161 mujeres de alto riesgo, Kindinger et al. mostraron que el predominio de *L. iners* a las 16 semanas fue un factor de riesgo y el de *L. crispatus*, un factor protector. En cambio, el acortamiento cervical no se asoció con disbiosis y la

progesterona vaginal no modificó la microbiota (10). En una cohorte de 88 participantes, Hyman et al. observaron diferencias en la diversidad microbiana entre los partos pretérmino y a término en el subgrupo de mujeres caucásicas, lo que refuerza la importancia de considerar la población estudiada (11).

Rotura prematura de membranas. Brown et al. encontraron disbiosis con depleción de lactobacilos antes de la rotura de membranas en el 27 % de los casos que la presentaron, frente a ninguno de los embarazos a término. Además, la eritromicina profiláctica agravó la disbiosis (47 %), y ciertos taxones se asociaron con funisitis y sepsis neonatal precoz (12).

Síntesis de la evidencia. El metaanálisis en red de Gudnadottir et al. respaldó el valor predictivo del microbioma. La baja abundancia de lactobacilos se asoció con el mayor riesgo, mientras que el predominio de *L. crispatus* se asoció con el menor (13). En la literatura latinoamericana, Ovalle y Oyarzún describen consenso en que las gestantes propensas a parto pretérmino por infección ascendente presentan baja abundancia o menor calidad de lactobacilos y desregulación inmunitaria del tracto genital inferior. Estas alteraciones son más intensas en presencia de diabetes, obesidad, estrés, ansiedad o depresión (14).

DISCUSIÓN

Así las cosas, la evidencia coincide en que la protección no depende del género *Lactobacillus* en su conjunto, sino sobre todo de *L. crispatus*. *L. iners*, pese a pertenecer al mismo género, se comporta como una especie de transición asociada con mayor riesgo (7,10,13). Este matiz se pierde cuando se clasifica la microbiota solo por la presencia o ausencia de lactobacilos, e incluso Callahan et al. proponen representarla mediante la frecuencia de taxones clave en lugar de los cinco CST (7).

En cuanto a la ascendencia, los datos muestran que la relación entre microbioma y parto pretérmino no es uniforme. Las firmas descritas en cohortes de bajo riesgo,

como *L. iners* y *G. vaginalis*, no se reprodujeron en cohortes de ascendencia africana (9). Por su parte, Elovitz et al. observaron que niveles vaginales más altos de beta-defensina 2 atenuaban el riesgo asociado con la microbiota de manera dependiente de la etnia (8). Por lo tanto, las diferencias étnicas deben interpretarse como el resultado de la interacción entre microbiota, respuesta inmunitaria local y factores sociales, y no como un determinismo biológico (5,8).

Respecto de las intervenciones, la revisión Cochrane de Othman et al. concluyó que, aunque los probióticos parecen tratar las infecciones vaginales en el embarazo, no hay datos suficientes para demostrar un efecto sobre el parto pretérmino. En el único ensayo disponible, con 238 mujeres, los intervalos de confianza fueron muy amplios (15). Cabe destacar, además, que la eritromicina puede empeorar la disbiosis en la rotura prematura de membranas (12), lo que obliga a considerar el efecto de los antibióticos sobre el ecosistema vaginal. Entre las limitaciones de este trabajo figuran su naturaleza documental, la heterogeneidad de los métodos de secuenciación y la escasez de cohortes latinoamericanas.

CONCLUSIÓN

En síntesis, la composición del microbioma vaginal se asocia con el riesgo de parto pretérmino espontáneo. El predominio de *L. crispatus* es protector, mientras que las comunidades pobres en lactobacilos, el predominio de *L. iners* y ciertos anaerobios incrementan el riesgo. Esta asociación varía según la ascendencia y está modulada por la respuesta inmunitaria local, y la disbiosis precede a una proporción de las roturas prematuras de membranas. No obstante, los probióticos no han demostrado reducir el parto pretérmino. A manera de colofón, el análisis del microbioma es una herramienta de investigación con potencial predictivo, pero su incorporación al control prenatal rutinario exige estudios de validación, especialmente en poblaciones latinoamericanas.

FINANCIAMIENTO

No monetario.

CONFLICTO DE INTERÉS

Los autores declaran no tener conflictos de interés.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a UNIANDES.

REFERENCIAS

1. Ohuma EO, Moller AB, Bradley E, Chakwera S, Hussain-Alkhateeb L, Lewin A, et al. National, regional, and global estimates of preterm birth in 2020, with trends from 2010: a systematic analysis. Lancet. 2023;402(10409):1261-71. doi:10.1016/S0140-6736(23)00878-4
2. Ravel J, Gajer P, Abdo Z, Schneider GM, Koenig SS, McCulle SL, et al. Vaginal microbiome of reproductive-age women. Proc Natl Acad Sci U S A. 2011;108(Suppl 1):4680-7. doi:10.1073/pnas.1002611107
3. Tachedjian G, Aldunate M, Bradshaw CS, Cone RA. The role of lactic acid production by probiotic *Lactobacillus* species in vaginal health. Res Microbiol. 2017;168(9-10):782-92. doi:10.1016/j.resmic.2017.04.001
4. Romero R, Hassan SS, Gajer P, Tarca AL, Fadrosh DW, Nikita L, et al. The composition and stability of the vaginal microbiota of normal pregnant women is different from that of non-pregnant women. Microbiome. 2014;2(1):4. doi:10.1186/2049-2618-2-4
5. Serrano MG, Parikh HI, Brooks JP, Edwards DJ, Arodz TJ, Edupuganti L, et al. Racioethnic diversity in the dynamics of the vaginal microbiome during pregnancy. Nat Med. 2019;25(6):1001-11. doi:10.1038/s41591-019-0465-8
6. DiGiulio DB, Callahan BJ, McMurdie PJ, Costello EK, Lyell DJ, Robaczewska A, et al. Temporal and spatial variation of the human microbiota during pregnancy. Proc Natl Acad Sci U S A. 2015;112(35):11060-5. doi:10.1073/pnas.1502875112
7. Callahan BJ, DiGiulio DB, Goltsman DSA, Sun CL, Costello EK, Jeganathan P, et al. Replication and refinement of a vaginal microbial signature of preterm birth in two racially distinct cohorts of US women. Proc Natl Acad Sci U S A. 2017;114(37):9966-71. doi:10.1073/pnas.1705899114
8. Elovitz MA, Gajer P, Riis V, Brown AG, Humphrys MS, Holm JB, et al. Cervicovaginal microbiota and local immune response modulate the risk of spontaneous preterm delivery. Nat Commun. 2019;10(1):1305. doi:10.1038/s41467-019-09285-9
9. Fettweis JM, Serrano MG, Brooks JP, Edwards DJ, Girerd PH, Parikh HI, et al. The vaginal microbiome and preterm birth. Nat Med. 2019;25(6):1012-21. doi:10.1038/s41591-019-0450-2
10. Kindinger LM, Bennett PR, Lee YS, Marchesi JR, Smith A, Cacciatore S, et al. The interaction between vaginal microbiota, cervical length, and vaginal progesterone treatment for preterm birth risk. Microbiome. 2017;5(1):6. doi:10.1186/s40168-016-0223-9
11. Hyman RW, Fukushima M, Jiang H, Fung E, Rand L, Johnson B, et al. Diversity of the vaginal microbiome correlates with preterm birth. Reprod Sci. 2014;21(1):32-40. doi:10.1177/1933719113488838
12. Brown RG, Marchesi JR, Lee YS, Smith A, Lehne B, Kindinger LM, et al. Vaginal dysbiosis increases risk of preterm fetal membrane rupture, neonatal sepsis and is exacerbated by erythromycin. BMC Med. 2018;16(1):9. doi:10.1186/s12916-017-0999-x
13. Gudnadottir U, Debelius JW, Du J, Hugerth LW, Danielsson H, Schuppe-Koistinen I, et al. The vaginal microbiome and the risk of preterm birth: a systematic review and network meta-analysis. Sci Rep. 2022;12(1):7926. doi:10.1038/s41598-022-12007-9

14. Ovalle A, Oyarzún E. Microbiota y perfil inmunológico vaginal de la embarazada propensa a parto prematuro por infección bacteriana ascendente. Revisión narrativa. Rev Chil Obstet Ginecol. 2024;89(3):164-81.
15. Othman M, Neilson JP, Alfirevic Z. Probiotics for preventing preterm labour. Cochrane Database Syst Rev. 2007;(1):CD005941. doi:10.1002/14651858.CD005941.pub2

Derechos de autor: 2026. Por los autores. Este artículo es de acceso abierto y distribuido según los términos y condiciones de la licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional (CC BY-NC-SA 4.0)

https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/