

DISBIOSE DA MICROBIOTA VAGINAL E SUA RELAÇÃO COM PARTO

PREMATURO: UMA REVISÃO DA LITERATURA

Linck GL¹, Garcia ALM², Barbosa SG², Faria CBP³

¹Acadêmico do Curso de Medicina da Universidade José do Rosário Vellano; ²Acadêmicos do Curso de Medicina da Faculdade Atenas Passos; ³Docente do Curso de Medicina Faculdade Atenas Passos

E-mail para correspondência: annalucamora@gmail.com

Introdução: A disbiose da microbiota vaginal tem sido associada a complicações obstétricas, especialmente ao parto prematuro, importante causa de morbimortalidade neonatal¹. A microbiota vaginal é composta por espécies do gênero *Lactobacillus*, responsáveis pela manutenção do pH ácido e proteção contra patógenos. A redução desses microrganismos favorece aumento da diversidade bacteriana e ambiente pró-inflamatório, capaz de desencadear respostas imunológicas associadas à ativação precoce do trabalho de parto². Alterações no microbioma durante a gestação podem comprometer a integridade das membranas fetais e interferir na homeostase materno-fetal³. **Objetivos:** Comparar a relação entre disbiose da microbiota vaginal e parto prematuro, enfatizando mecanismos fisiopatológicos e marcadores preditivos, como a interleucina-6 (IL-6)³. **Métodos:** Revisão qualitativa composta por oito estudos (2015–2022), identificados nas bases Biblioteca Virtual em Saúde, PubMed e Scopus. Utilizou-se a estratégia: (“vaginal microbiota” OR “vaginal dysbiosis” OR “microbiome”) AND (“preterm birth” OR “preterm labor” OR “premature rupture of membranes” OR “PROM” OR “pPROM”). Incluíram-se estudos observacionais e análises ômicas em gestantes com parto prematuro ou ruptura prematura de membranas. Excluíram-se revisões, relatos de caso e estudos sem dados quantitativos. A síntese foi descritiva. **Discussão:** Os estudos demonstram resultados heterogêneos quanto à associação entre disbiose vaginal e parto prematuro. Evidências relacionam maior diversidade microbiana e presença de *Gardnerella* (~11%) e *Prevotella* (~8–9%) ao risco de prematuridade, sem consistência entre

populações. Um estudo não encontrou diferença significativa entre grupos (p ajustado=0,843), sugerindo que a composição bacteriana isolada não é preditora confiável¹⁰. Análises metabolômicas evidenciaram 260 metabólitos diferencialmente expressos, com redução de substratos da glicólise ($p=0,0025$; $p=0,0195$), metabólitos da biossíntese de esteroides ($p<0,05$) e compostos antioxidantes ($p\leq 0,0393$), indicando impacto funcional da disbiose⁹. Em conjunto, os achados reforçam ausência de padrão microbiológico universal e destacam o papel das alterações metabólicas e inflamatórias. Conclusão: A disbiose associa-se ao parto prematuro de forma heterogênea, não sendo a composição bacteriana isolada preditora consistente. Alterações metabólicas e inflamatórias mostram-se mais relevantes, destacando a interleucina-6 como potencial biomarcador.

Palavras-chave: Disbiose vaginal; Microbiota vaginal; Parto prematuro; *Lactobacillus*; Inflamação materno-fetal.

Referências bibliográficas:

1. HUANG C, GIN C, FETTWEIS JM, FOXMAN B, GELAYE B, MACINTYRE DA, et al. Meta-analysis reveals the vaginal microbiome is a better predictor of earlier than later preterm birth. *BMC Biol.* 2023 Sep 25;21(1). <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37743497/>
2. CHENG D, LI N, SUN Q, WANG K, GAO F. Vaginal microbiome and preterm birth: composition, mechanisms and microbiota-directed therapies (Review). *Int J Mol Med.* 2025;56(6):203. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40999955/>
3. CAVANAGH M, AMABEBE E, KULKARNI NS, PAPAGEORGIOU MD, WALKER H, WYLES MD, et al. Vaginal host immune-microbiome-metabolite interactions associated with spontaneous preterm birth in a predominantly white cohort. *npj Biofilms Microbiomes.* 2025 Mar 26;11(1). <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40140683/>
4. ROBINSON CK, et al. Vaginal microbiota and spontaneous preterm birth in pregnant women at high risk of recurrence. *Am J Obstet Gynecol.* 2024. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38803950/>
5. ZHANG Y, et al. The vaginal microbial signatures of preterm birth woman. *BMC Pregnancy Childbirth.* 2024. <https://bmcpregnancychildbirth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12884-024-06573-1>

6. CALLAHAN BJ, et al. Vaginal microbiome and risk of preterm birth. *Nat Commun.* 2022. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35190561/>
7. TANG Y, et al. The microbiome biomarkers of pregnant women's vaginal area predict preterm prelabor rupture in Western China. *Front Cell Infect Microbiol.* 2024. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39544282/>
8. MENG L, et al. Microbiome-producing SCFAs are associated with preterm birth via trophoblast function modulation. *Front Microbiol.* 2024. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39526775/>
9. LIU L, XU HJ, CHEN DZ. Detection of vaginal metabolite changes in premature rupture of membrane patients in third trimester pregnancy: a prospective cohort study. *Front Microbiol.* 2020. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33025530/>
10. GULAVI E, MWENDWA F, ATANDI DO, OKIRO PO, HALL M, BEIKO RG, ADAM RD. Vaginal microbiota in women with spontaneous preterm labor versus those with term labor in Kenya: a case-control study. *BMC Pregnancy Childbirth.* 2022. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36357861/>