

**Cómo citar este artículo:**

Novo-Álvarez Y, Valdés-Espino D, Oviedo-Pérez K, González-Morales AC. Microbioma vaginal hacia una medicina personalizada en salud femenina: una revisión narrativa. MedEst. [Internet]. 2026 [citado acceso fecha]; 6:e546.

Disponible en:

<https://revmedest.sld.cu/index.php/medest/article/view/546>

**Palabras Clave:**

Microbioma Vaginal, Disbiosis, Medicina Personalizada, Probióticos, Salud Femenina, Cáncer de Cuello Uterino.

**Keywords:**

Vaginal Microbiome, Dysbiosis, Personalized Medicine, Probiotics, Women's Health, Cervical Cancer.

**Autor para correspondencia:**

[yaliannenovo02@gmail.com](mailto:yaliannenovo02@gmail.com)

**Recibido:** 05/04/2026

**Aceptado:** 02/05/2026

**Publicado:** 04/05/2026

**Editor(es) a cargo:**

MSc. Yuniel Rosales Alcántara.

**Traductor:**

Lic. Meliza Maura Vázquez Núñez.

**Maquetador:**

Yosvany Linares Hernández.

**Microbioma vaginal hacia una medicina personalizada en salud femenina: una revisión narrativa****Vaginal microbiome towards personalized medicine in women's health: a narrative review**

Yalianne Novo Álvarez <sup>1</sup> , Danamirys Valdés Espino <sup>1</sup> 

Karen Oviedo Pérez <sup>1</sup> , Ardyn Concepción González Morales <sup>1</sup> 

<sup>1</sup> Universidad de Ciencias Médicas de Matanzas. Facultad de Ciencias Médicas de Matanzas "Dr. Juan Guiterras Gener", Matanzas. Cuba.

**RESUMEN**

**Introducción:** El microbioma vaginal es un ecosistema dinámico dominado por *Lactobacillus* spp., cuya disrupción se asocia con infecciones, complicaciones obstétricas y posible progresión neoplásica. **Objetivo:** Describir la composición, funciones y alteraciones del microbioma vaginal, y argumentar la necesidad de integrar su análisis en la práctica ginecológica hacia una medicina personalizada. **Métodos:** Revisión narrativa basada en búsqueda en PubMed, SciELO, Scopus y Web of Science (2021-2026). Se priorizaron metaanálisis, ensayos clínicos y revisiones sistemáticas. Se seleccionaron 43 fuentes, de las que se citan 23 por su relevancia y nivel de evidencia.

**Resultados:** El microbioma vaginal sano presenta baja diversidad con predominio de *L. crispatus*, *L. iners*, *L. gasseri* o *L. jensenii*. La disbiosis, definida por pérdida de lactobacilos y aumento de anaerobios (*Gardnerella*, *Prevotella*, *Atopobium*), incrementa el riesgo de vaginosis bacteriana, parto pretérmino, infección por VPH y progresión a neoplasia cervical. Los probióticos específicos y la transferencia de microbiota vaginal emergen como estrategias moduladoras prometedoras. **Conclusiones:** La incorporación del análisis del microbioma vaginal en la práctica clínica (escalable mediante secuenciación de siguiente generación) permitiría intervenciones personalizadas en prevención y tratamiento. Se requieren estudios locales en poblaciones cubanas y latinoamericanas.

**ABSTRACT**

**Introduction:** The vaginal microbiome is a dynamic ecosystem dominated by *Lactobacillus* spp., whose disruption is associated with infections, obstetric complications and possible neoplastic progression. **Objective:** Describe the composition, functions and alterations of the vaginal microbiome, and argue the need to integrate its analysis into gynecological practice towards personalized medicine. **Methods:** Narrative review based on search in PubMed, SciELO, Scopus and Web of Science (2021-2026). Meta-analyses, clinical trials and systematic reviews were prioritized. 43 sources were selected, of which 23 are cited for their relevance and level of evidence. **Results:** The healthy vaginal microbiome presents low diversity with a predominance of *L. crispatus*, *L. iners*, *L. gasseri* or *L. jensenii*. Dysbiosis, defined by loss of lactobacilli and increase of anaerobes (*Gardnerella*, *Prevotella*, *Atopobium*), increases the risk of bacterial vaginosis, preterm birth, HPV infection and progression to cervical neoplasia. Specific probiotics and vaginal microbiota transfer emerge as promising modulatory strategies. **Conclusions:** Incorporating vaginal microbiome analysis into clinical practice (scalable through next-generation sequencing) would allow personalized interventions in prevention and treatment. Local studies are required in Cuban and Latin American populations.

## INTRODUCCIÓN

El concepto de microbioma humano ha revolucionado la comprensión de la fisiología y la patología en las últimas dos décadas <sup>(1)</sup>. Específicamente, el microbioma vaginal ha emergido como un ecosistema complejo y dinámico, tradicionalmente dominado por especies del género *Lactobacillus*, cuyo papel protector trasciende la mera barrera física para incluir mecanismos inmunológicos y metabólicos sofisticados <sup>(2,3)</sup>. La transición desde la noción de "flora vaginal" hacia el paradigma de "microbioma vaginal" implica reconocer no solo la composición taxonómica, sino también las interacciones funcionales, el metabolismo y la estabilidad temporal de esta comunidad microbiana <sup>(4)</sup>.

En Cuba, las infecciones ginecológicas constituyen motivo frecuente de consulta y las complicaciones obstétricas relacionadas con disbiosis microbiana representan una carga significativa para el Sistema Nacional de Salud <sup>(5)</sup>. La Organización Mundial de la Salud ha enfatizado la importancia de comprender los factores biológicos que determinan la salud sexual y reproductiva <sup>(6)</sup>.

A pesar de los avances en el estudio del microbioma vaginal, aún existen limitaciones en su comprensión integral y en la traslación de este conocimiento a la práctica clínica rutinaria. Persisten interrogantes: ¿cuál es la composición del microbioma vaginal en condiciones normales?, ¿qué funciones desempeña?, y ¿cómo influyen sus alteraciones en la aparición de enfermedades como el parto pretérmino y el cáncer cervicouterino?

Dada la amplitud del tema y la necesidad de sintetizar evidencia de distintos niveles (mecanismos, asociaciones clínicas, intervenciones), una revisión narrativa es el enfoque apropiado para ofrecer una visión integral y contextualizada, sin pretender exhaustividad cuantitativa.

El presente trabajo tiene como objetivo describir la composición, funciones y alteraciones del microbioma vaginal, y argumentar la necesidad de integrar su análisis en la práctica ginecológica hacia una medicina personalizada.

## MÉTODOS

Se realizó una revisión narrativa de la literatura científica publicada entre enero de 2021 y abril de 2026. La estrategia de búsqueda se ejecutó en las bases de datos PubMed, SciELO, Scopus y Web of Science, utilizando los descriptores DeCS/MeSH: "vaginal microbiome", "vaginal microbiota", "dysbiosis", "Lactobacillus", "preterm birth", "HPV", "cervical cancer", "probiotics", "personalized medicine",

"women's health". Los términos se combinaron con los operadores booleanos AND y OR. Se incluyeron artículos en inglés, español y portugués.

**Criterios de inclusión:** metaanálisis, revisiones sistemáticas, ensayos clínicos aleatorizados, estudios de cohortes prospectivos y estudios transversales de alta calidad metodológica que abordaran la composición, funciones, alteraciones o modulación del microbioma vaginal. Se incluyeron también estudios fundacionales clásicos (previos a 2021) cuando fueron necesarios para contextualizar conceptos.

**Criterios de exclusión:** series de casos sin grupo control, opiniones de expertos no respaldadas por datos, estudios en animales, cartas al editor y resúmenes de congresos.

Dos revisoras realizaron de forma independiente la selección de títulos y resúmenes; los desacuerdos se resolvieron por consenso. La extracción de datos se organizó en categorías temáticas: composición y tipos de comunidad (CST), funciones (barrera, inmunomodulación, metabólica), factores que influyen, disbiosis y su relación con complicaciones obstétricas, infecciones de transmisión sexual, VPH y cáncer cervical, y estrategias de modulación (probióticos, transferencia de microbiota). La síntesis fue crítica, jerarquizando la evidencia según el diseño de estudio (priorizando metaanálisis y ensayos clínicos). Se identificaron patrones, controversias y lagunas de conocimiento.

Se identificaron inicialmente 312 artículos; tras la aplicación de criterios y eliminación de duplicados, se seleccionaron 43 fuentes para la lectura a texto completo, de las cuales 23 se citan en esta revisión por su representatividad y nivel de evidencia (el resto se utilizó para información contextual pero no se cita directamente por razones de espacio). No se realizó diagrama PRISMA por tratarse de una revisión narrativa.

## RESULTADOS

### 1. Definición y características del microbioma vaginal

La microbiota incluye las especies, géneros y filos que habitan en un entorno determinado, mientras que el microbioma abarca no solo estos microorganismos sino también sus interacciones, productos metabólicos y material genético <sup>(4)</sup>. El microbioma vaginal constituye un microecosistema anaeróbico que experimenta fluctuaciones durante el ciclo menstrual y a lo largo de la vida. La mucosa vaginal, compuesta por epitelio escamoso estratificado no queratinizado, obtiene nutrientes por difusión, creando un hábitat relativamente anaeróbico <sup>(2)</sup>.

## 2. Composición del microbioma vaginal

Las principales bacterias pertenecen al género *Lactobacillus*, que representan más del 70 % de los microorganismos en condiciones de salud <sup>(4)</sup>. Estudios basados en secuenciación del ARNr 16S han clasificado el microbioma vaginal en cinco estados de comunidad (CST) (3): CST I: dominado por *L. crispatus*, CST II: *L. gasseri*, CST III: *L. iners*, CST V: *L. jensenii*, CST IV: alta diversidad microbiana con escasos lactobacilos y predominio de anaerobios (*Gardnerella*, *Prevotella*, *Atopobium*, *Bifidobacterium*, etc.)

El CST IV se asocia con mayor riesgo de disbiosis y patología. No obstante, esta clasificación no captura completamente la funcionalidad metabólica ni la estabilidad temporal <sup>(3)</sup>. Además, se ha observado que mujeres sanas de ascendencia africana y latina pueden presentar microbiomas con mayor diversidad y menor predominio de lactobacilos, sin implicar enfermedad <sup>(7)</sup>. Esto es especialmente relevante para poblaciones latinoamericanas y cubanas.

**Tabla 1.** Características de los principales CST vaginales

CST	Especie dominante	pH típico	Asociación con salud/enfermedad
I	<i>L. crispatus</i>	3,5–4,0	Fuerte efecto protector (bajo riesgo)
II	<i>L. gasseri</i>	4,0–4,5	Protector intermedio
III	<i>L. iners</i>	4,0–4,7	Menos estable, transición a disbiosis
IV	Mixta anaerobia	>4,5	Alto riesgo de vaginosis, VPH, parto pretérmino
V	<i>L. jensenii</i>	4,0–4,5	Protector, menos frecuente

**Fuente:** elaboración propia a partir de (3,4,7).

## 3. Factores que influyen en el microbioma vaginal

El microbioma vaginal es dinámico y varía según factores hormonales (ciclo menstrual, embarazo, menopausia), edad, uso de antibióticos, anticonceptivos orales, hábitos de higiene, actividad sexual y dieta <sup>(8)</sup>. Durante el embarazo, el predominio de *Lactobacillus* se acentúa por acción estrogénica, pero la disbiosis en este periodo se asocia a complicaciones <sup>(5)</sup>. Asimismo, la microbiota intestinal influye sobre la vaginal por migración bacteriana, destacando la importancia del eje intestino-vagina <sup>(8)</sup>.

## 4. Funciones del microbioma vaginal

**Función protectora (barrera biológica):** Los lactobacilos producen ácido láctico, manteniendo un pH ácido (3,5–4,5) que inhibe patógenos. También generan peróxido de hidrógeno y bacteriocinas, y compiten por sitios de adhesión epitelial <sup>(2,9)</sup>.

**Función inmunológica:** Modulan la respuesta inmune local, regulando la producción de citoquinas y péptidos antimicrobianos. Interactúan con receptores tipo Toll y evitan respuestas inflamatorias excesivas <sup>(10)</sup>.

**Función metabólica:** Metabolizan el glucógeno epitelial (estimulado por estrógenos) produciendo ácido láctico, lo que estabiliza el ambiente <sup>(9)</sup>.

**Exclusión competitiva:** Ocultan nichos ecológicos y compiten por nutrientes, impidiendo la colonización por patógenos <sup>(3)</sup>.

## 5. Disbiosis vaginal: concepto, controversias y asociaciones clínicas

La disbiosis vaginal se define como una alteración del equilibrio microbiano caracterizada por disminución de *Lactobacillus* spp. protectoras y aumento de bacterias anaerobias <sup>(7)</sup>. Sin embargo, la definición exclusiva por ausencia de lactobacilos es problemática, ya que mujeres sanas de ciertos grupos étnicos tienen naturalmente baja abundancia de *Lactobacillus* sin patología <sup>(7)</sup>. Por ello, algunos autores proponen una definición funcional basada en metabolitos y respuesta inflamatoria <sup>(11)</sup>.

La disbiosis se asocia con:

### a. Vaginosis bacteriana (VB)

La VB es la expresión patológica más frecuente, con pérdida de *Lactobacillus* y sobrecrecimiento de *Gardnerella vaginalis*, *Prevotella* spp., *Atopobium vaginae* y *Megasphaera* <sup>(2,7)</sup>. Afecta entre el 10-30 % de las mujeres en edad fértil y se relaciona con mayor riesgo de adquisición de ITS (VIH, herpes, VPH) <sup>(7)</sup>.

### b. Complicaciones obstétricas

Numerosos estudios han demostrado que la disbiosis durante el embarazo aumenta el riesgo de parto pretérmino, rotura prematura de membranas y corioamnionitis <sup>(5,12)</sup>. Una revisión sistemática reciente (2025) que incluyó 34 estudios de cohortes encontró que las mujeres con microbioma CST IV en el primer trimestre presentan un odds ratio

de 2,8 (IC95% 2,1-3,7) para parto antes de las 34 semanas <sup>(12)</sup>. Los mecanismos implican el ascenso de patógenos desde la vagina hacia la cavidad amniótica, desencadenando inflamación intraamniótica <sup>(5)</sup>.

### **c. Infección por virus del papiloma humano (VPH) y cáncer de cuello uterino**

La evidencia reciente sugiere que la disbiosis vaginal favorece la persistencia del VPH de alto riesgo y la progresión a neoplasia intraepitelial cervical (NIC) y cáncer <sup>(13,14)</sup>. Un metaanálisis de 2025 <sup>(13)</sup> que incluyó 12 estudios observacionales (n=3.247 mujeres) demostró que la presencia de *L. crispatus* se asocia con clearance del VPH (OR 0,42), mientras que la abundancia de *Gardnerella* y *Atopobium* se correlaciona con persistencia viral (OR 2,9). Un estudio de multiómicas (2024) identificó que el metaboloma vaginal (especialmente los niveles de ácido láctico L-isómero y ciertos dióles) es el mejor predictor del microambiente cervical, superando a la composición taxonómica <sup>(15)</sup>.

### **d. Otras infecciones de transmisión sexual y reproducción asistida**

La disbiosis vaginal incrementa la susceptibilidad a *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae* y *Trichomonas vaginalis* <sup>(7)</sup>. En el contexto de reproducción asistida, un metaanálisis de 2025 <sup>(16)</sup> halló que las mujeres con microbioma no dominado por *Lactobacillus* tienen una tasa de implantación significativamente menor (RR 0,65; IC95% 0,52-0,81).

## **6. Estrategias de modulación del microbioma vaginal: hacia la medicina personalizada**

### **Probióticos**

Los probióticos vaginales u orales con cepas específicas de *L. rhamnosus*, *L. reuteri*, *L. crispatus* y *L. acidophilus* han demostrado eficacia en la prevención de recurrencias de vaginosis bacteriana y candidiasis vulvovaginal <sup>(8,17)</sup>. Un ensayo clínico aleatorizado de 2025 <sup>(17)</sup> mostró que la administración oral de *L. crispatus* LMG P-32001 durante 6 meses redujo la tasa de recurrencia de VB del 45 % al 23 % (p<0,01). No obstante, la evidencia para la prevención del parto pretérmino aún es limitada y heterogénea <sup>(18)</sup>.

### **Transferencia de microbiota vaginal (TMV)**

Inspirada en el trasplante fecal, la TMV consiste en la inoculación de fluido vaginal de una donante sana con microbiota eubiótica en una receptora con disbiosis recurrente. Un estudio de fase II publicado en

*Nature Medicine* (2025) demostró que la TMV (con donantes de CST I) logró una tasa de curación de VB recurrente del 82 % a los 6 meses, con engraftamiento sostenido de *L. crispatus* <sup>(19)</sup>. Adicionalmente, un ensayo controlado aleatorizado de 2026 en mujeres postmenopáusicas con atrofia vaginal mostró mejoría significativa del pH, el índice de maduración vaginal y la sintomatología tras TMV <sup>(20)</sup>.

## Otras intervenciones

La modulación dietética (aumento de fibra prebiótica, reducción de azúcares simples) y el uso de ácido láctico tópico se están explorando como coadyuvantes <sup>(8,11)</sup>. El viroma vaginal (bacteriófagos) también está emergiendo como un regulador clave de la comunidad bacteriana, abriendo nuevas vías terapéuticas <sup>(21)</sup>.

## DISCUSIÓN

Esta revisión narrativa sintetiza la evidencia actual sobre la composición, funciones y disbiosis del microbioma vaginal, así como las estrategias de modulación encaminadas a una medicina personalizada. Los hallazgos principales confirman el papel central de *Lactobacillus* spp. en la preservación de la salud vaginal y la asociación consistente entre la disbiosis y desenlaces adversos como parto pretérmino, infección por VPH persistente y cáncer cervical <sup>(2,3,5,7,13,14)</sup>.

Los resultados presentados concuerdan con las grandes revisiones sistemáticas de France et al. <sup>(3)</sup> y Dubé-Zinatelli et al. <sup>(7)</sup> en cuanto a la heterogeneidad del microbioma entre grupos étnicos y la necesidad de una definición funcional de disbiosis. Sin embargo, nuestra revisión aporta un enfoque más aplicado a la realidad latinoamericana y al contexto de un sistema de salud con recursos limitados, algo no abordado en profundidad por la literatura internacional.

La mayoría de los estudios primarios son observacionales y transversales, con riesgo de sesgo de selección y confusión residual. Los ensayos clínicos sobre probióticos son aún pequeños y con heterogeneidad en cepas, dosis y desenlaces. Además, la secuenciación del ARNr 16S no captura la funcionalidad metabólica ni la actividad de hongos y virus. Los metaanálisis disponibles presentan alta heterogeneidad estadística ( $I^2 > 70$  % en varios casos) <sup>(12,13,16)</sup>.

Se reconoce que la búsqueda bibliográfica no fue sistemática exhaustiva (no se registró la estrategia en PROSPERO ni se realizó diagrama PRISMA), lo que puede introducir un sesgo de selección a favor de los artículos más accesibles o citados. Además, al priorizar literatura en inglés, español y portugués, podrían excluirse hallazgos relevantes publicados en otros idiomas. La síntesis crítica depende del

juicio de las autoras, aunque se intentó mitigar mediante la revisión independiente por dos investigadoras.

Se requieren estudios longitudinales de cohortes en poblaciones latinoamericanas/cubanas para definir rangos normales del microbioma vaginal y evaluar el valor predictivo de la disbiosis para parto pretérmino y persistencia de VPH. También son necesarios ensayos clínicos de fase III con probióticos y TMV adaptados a la diversidad de CST.

En entornos con recursos limitados, la integración del análisis del microbioma vaginal debe ser escalonada: inicialmente mediante la medición del pH vaginal y la detección de lactobacilos por microscopía; a mediano plazo, mediante PCR cuantitativa para especies clave; idealmente, mediante secuenciación de próxima generación en hospitales terciarios. La identificación de mujeres con disbiosis subclínica (especialmente en el embarazo) permitiría intervenciones preventivas personalizadas (probióticos específicos, modificación de hábitos).

El Sistema Nacional de Salud cubano, con su énfasis en la prevención y la atención primaria, está en una posición privilegiada para implementar programas piloto de cribado de disbiosis vaginal en consultas de ginecología y obstetricia. La formación de residentes en microbioma y la colaboración con centros de investigación latinoamericanos (Brasil, México, Argentina) que ya cuentan con capacidades de secuenciación son estrategias realistas y costo-efectivas <sup>(22)</sup>.

## CONCLUSIONES

El microbioma vaginal constituye un ecosistema complejo dominado, en condiciones de salud, por especies de *Lactobacillus* (*L. crispatus*, *L. iners*, *L. gasseri*, *L. jensenii*), las cuales ejercen funciones de barrera, inmunomodulación y regulación metabólica. Su alteración (disbiosis), caracterizada por la pérdida de lactobacilos y el aumento de anaerobios como *Gardnerella*, *Prevotella* y *Atopobium*, se asocia con vaginosis bacteriana, parto pretérmino, rotura prematura de membranas, persistencia del virus del papiloma humano y progresión a neoplasia cervical. Aunque estrategias moduladoras como probióticos específicos y transferencia de microbiota vaginal han mostrado resultados prometedores, se requieren más estudios para estandarizar su uso clínico. La incorporación de análisis del microbioma mediante herramientas escalables (pH, PCR, secuenciación) permitiría una medicina personalizada en ginecología. Resulta imperativo desarrollar investigaciones locales en poblaciones cubanas y latinoamericanas

para caracterizar su microbioma y evaluar intervenciones adaptadas a su contexto.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Auriemma RS, Sciarati R, Del Vecchio G, Liccardi A, Verde N, Pirchio R, et al. The vaginal microbiome: a long urogenital colonization throughout woman life. *Front Cell Infect Microbiol.* 2021;11:686167. doi: 10.3389/fcimb.2021.686167.
2. Chen X, Lu Y, Chen T, Li R. The female vaginal microbiome in health and bacterial vaginosis. *Front Cell Infect Microbiol.* 2021;11:631972. doi: 10.3389/fcimb.2021.631972.
3. France M, Alizadeh M, Brown S, Ma B, Ravel J. Towards a deeper understanding of the vaginal microbiota. *Nat Microbiol.* 2022;7(3):367-378. doi: 10.1038/s41564-022-01083-2.
4. VivoLabs. ¿Qué es la microbiota vaginal? [Internet]. 2022 [citado 03/04/2026]. Disponible en: <https://vivolabs.es/que-es-la-microbiota-vaginal/>
5. Núñez I, Uzcátegui Montero OE, Sandó Mistage C, Terrizzi A, Milano A, Martínez B. Aspectos actuales de la microbiota y su relación con el embarazo. *Rev Obstet Ginecol Venez.* 2024;84(4):450-458.
6. Organización Mundial de la Salud. Estrategia mundial de salud sexual y reproductiva 2022-2030. Ginebra: OMS; 2022 [citado 03/04/2026]. Disponible en: <https://www.who.int/es/publications/i/item/9789240054364>
7. Dubé-Zinatelli E, Cappelletti L, Ismail N. Vaginal microbiome: environmental, biological, and racial influences on gynecological health across the lifespan. *Am J Reprod Immunol.* 2024;92(6):e70026. doi: 10.1111/aji.70026.
8. Plaza-Díaz J, Ruiz-Ojeda FJ, Gil-Campos M, Gil A. Reviewing the composition of vaginal microbiota: inclusion of nutrition and probiotic factors in the maintenance of eubiosis. *Nutrients.* 2019;11(2):419. doi: 10.3390/nu11020419.
9. Cheng Q, Lv S, Yin N, Wang J. Microbial regulators of physiological and reproductive health in women of reproductive age: local, proximal and distal regulatory functions. *NPJ Biofilms Microbiomes.* 2025;11(1):207. doi: 10.1038/s41522-025-00839-y.

10. Anahtar MN, Gootenberg DB, Mitchell CM, Kwon DS. Cervicovaginal microbiome and reproductive health: the virtue of simplicity. *Cell Host Microbe*. 2018;23(2):159-168. doi: 10.1016/j.chom.2018.01.011.
11. Dillen J, Dricot CEMK, Croatti V, Lebeer S. The female urogenital microbiome: ecological insights, therapeutic strategies, and molecular mechanisms. *Cell Host Microbe*. 2026;34(4):567-587. doi: 10.1016/j.chom.2026.03.015.
12. Ferrante M, Oliveri Conti G, Pulvirenti E, Favara C, Fiore M, Cristaldi A. The vaginal microbiota and preterm birth: A systematic review. *Eur J Obstet Gynecol Reprod Biol*. 2025;311:114007. doi: 10.1016/j.ejogrb.2025.114007.
13. Zhang W, Ge Y, Yao L, Yan Q, Wei J, Yin Y, et al. Changes of microbiome in human papillomavirus infection and cervical cancer: a systematic review and meta-analysis. *Cancer Rep (Hoboken)*. 2025 Jun;8(6):e70246. doi: 10.1002/cnr2.70246.
14. Brusselaers N, Shrestha S, van de Wijgert J, Verstraelen H. Vaginal dysbiosis and the risk of human papillomavirus and cervical cancer: systematic review and meta-analysis. *Am J Obstet Gynecol*. 2019;221(1):9-18.e8. doi: 10.1016/j.ajog.2019.05.044.
15. Bokulich NA, Łaniewski P, Adamov A, Chase DM, Caporaso JG, Herbst-Kralovetz MM. Multi-omics data integration reveals metabolome as the top predictor of the cervicovaginal microenvironment. *PLoS Comput Biol*. 2022;18(2):e1009876. doi: 10.1371/journal.pcbi.1009876.
16. Samama M, Ueno J, Carvalho de Arruda Veiga E, Piscopo RCCP, Ikeda F, Pires de Lemos N, et al. Vaginal microbiome and its relationship with assisted reproduction: a systematic review and meta-analysis. *Life (Basel)*. 2025;15(9):1382. doi: 10.3390/life15091382.
17. Liu HF, Yi N. A systematic review and meta-analysis on the efficacy of probiotics for bacterial vaginosis. *Eur Rev Med Pharmacol Sci*. 2022;26:90-98. doi: 10.26355/eurev\_202201\_27752.
18. Yoneda S, Akamata N, Nakamura M, Kumazawa K, Sakura M, Fukuhara K, et al. Prevention of recurrent spontaneous preterm delivery using probiotics: results from a prospective, single-arm, multicenter trial. *Am J Obstet Gynecol*. 2026. doi: 10.1016/j.ajog.2026.02.027.

19. Hussain FA, Bergerat A, Kelly J, Cooley Demidkina B, Worrall D, Xu J, et al. Donation strain engraftment demonstrates feasibility of vaginal microbiota transplantation to prevent recurrent bacterial vaginosis. *Nat Med.* 2025;31(8):2450-2460. doi: 10.1038/s41591-025-03594-9.

20. Xu Z, Zhu Q, Zou J, Lu Y, Wang L, Zou Q, et al. Vaginal microbiota transplantation alleviates vaginal atrophy in ovariectomized mice. *Sci Rep.* 2025;15(1):8390. doi: 10.1038/s41598-025-92881-1.

21. Orton KL, Monaco CL. The vaginal virome in women's health and disease. *Microorganisms.* 2025;13(2):431. doi: 10.3390/microorganisms13020431.

22. Mei Z, Li D. The role of probiotics in vaginal health. *Front Cell Infect Microbiol.* 2022;12:963868. doi: 10.3389/fcimb.2022.963868.

23. Łaniewski P, Ilhan ZE, Herbst-Kralovetz MM. The microbiome and gynaecological cancer development, prevention and therapy. *Nat Rev Urol.* 2020;17(4):232-250. doi: 10.1038/s41585-020-0286-z.

### CONTRIBUCIÓN DE AUTORÍA

**YNA:** conceptualización, análisis formal, metodología, administración del proyecto, redacción – borrador original, redacción – revisión y edición.

**DVE:** conceptualización, curación de datos, investigación, supervisión, redacción – borrador original.

**KOP:** conceptualización, metodología, supervisión, redacción – revisión y edición.

**ACGM:** conceptualización, metodología, supervisión, redacción – revisión y edición.

### CONFLICTO DE INTERESES

Los autores no declaran conflictos de interés.

### FUENTES DE FINANCIACIÓN

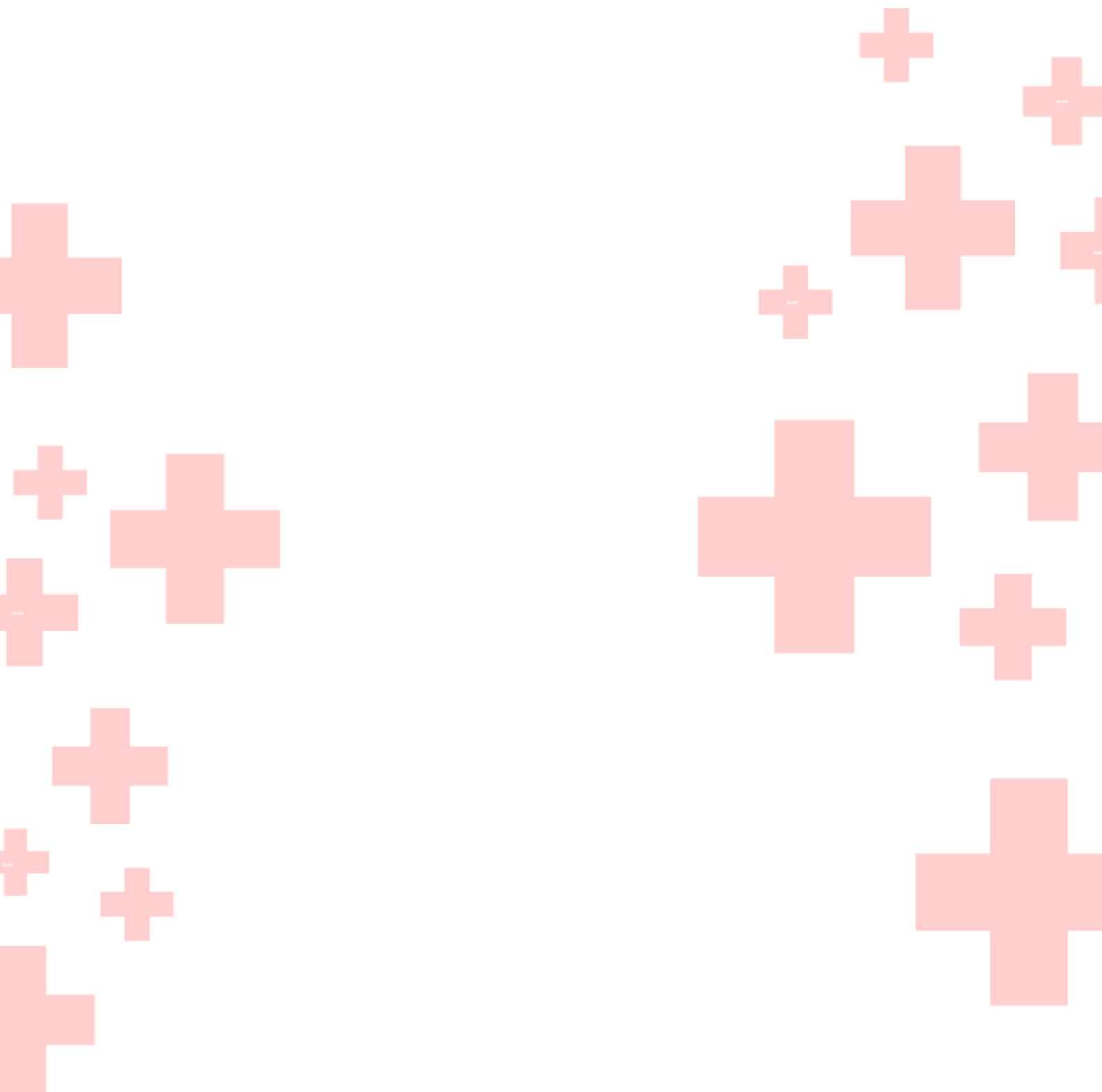
No se recibió financiamiento externo.

### USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Los artículos de la **Revista MedEst** se comparten bajo los términos de la licencia de **Creative Commons Reconocimiento-NoComercial 4.0 Internacional**  
Email: [revmedest.mtz@infomed.sld.cu](mailto:revmedest.mtz@infomed.sld.cu) Sitio Web: [www.revmedest.sld.cu](http://www.revmedest.sld.cu)



Los autores declaran que no se utilizó inteligencia artificial en la redacción de este manuscrito.



Los artículos de la **Revista MedEst** se comparten bajo los términos de la licencia de **Creative Commons Reconocimiento-NoComercial 4.0 Internacional**  
Email: [revmdest.mtz@infomed.sld.cu](mailto:revmdest.mtz@infomed.sld.cu) Sitio Web: [www.revmedest.sld.cu](http://www.revmedest.sld.cu)

