ПРОГНОСТИЧЕСКАЯ ЗНАЧИМОСТЬ ИИ-АНАЛИЗА МИКРОБИОЦЕНОЗА РОТОВОЙ ПОЛОСТИ В ДИАГНОСТИКЕ ХРОНИЧЕСКОГО ПАРОДОНТИТА

Нурматов Б.У.
Научный руководитель: д.м.н., доцент Юсупалиходжаева С.Х. (ТГМИ)
Научный консультант: зав. кафедрой терапевтической стоматологии АГМИ Усмонов Б.
Андижанский Государственный Медицинский Институт, Андижан, Узбекистан
Email: bakhteenurmatov@gmail.com

Ключевые слова: хронический пародонтит, искусственный интеллект, машинное обучение, микробиоценоз полости рта, прогностические биомаркеры, прецизионная стоматология.

Актуальность

Хронический пародонтит — мультифакториальное воспалительное заболевание с прогрессирующей деструкцией тканей пародонта. Традиционные методы диагностики (глубина зондирования, потеря прикрепления) не всегда позволяют точно прогнозировать прогрессирование и индивидуализировать терапию. Применение ИИ и машинного обучения для анализа микробиомных данных открывает перспективы персонализированной диагностики, стратификации риска и мониторинга эффективности лечения.

Цель

Систематизировать данные о прогностической значимости ИИ-анализа микробиоценоза в диагностике хронического пародонтита и идентифицировать ключевые микробные биомаркеры.

Материалы и методы

Проведён систематический обзор литературы (2026-2026 гг.) в базах SciSpace, Google Scholar, PubMed. Первичный поиск выявил 222 работы, после

скрининга проанализированы 76, в финальный тезис включены 5 ключевых исследований.

Методологии ИИ: Градиентный бустинг (LightGBM, n=2050) достиг AUC 0,81–0,87 [2]. Случайный лес использован для разработки индекса субгингивального микробного дисбиоза (SMDI) с AUC 0,92–0,96 [3]. Классификаторы на основе ПЦР 9 пародонтопатогенов (n=692) показали точность 0,93 (AUC = 0,96, чувствительность 0,96) [1]. Продольные модели метагеномного секвенирования дифференцировали клинические состояния с точностью 81,1% [4].

Результаты

Диагностическая точность ИИ-классификаторов составляет AUC 0,81–0,96 и точность 81–93% [1–4]. Наилучшие показатели (точность 0,93, AUC 0,96) при классификации умеренных и тяжёлых форм [1].

Ключевые биомаркеры: патогены красного комплекса (*Porphyromonas gingivalis, Tannerella forsythia, Treponema denticola*) валидированы во всех моделях [1–4]. Дополнительные дискриминаторы: *Fretibacterium* HMT-362, *Mycoplasma faucium, Filifactor alocis, Porphyromonas endodontalis* [2,4]. Минимальные панели из 3–10 таксонов обеспечивают точность, сопоставимую с полноразмерными моделями [3,5].

Прогностическая значимость: Модели эффективно стратифицируют риск и идентифицируют пациентов, требующих интенсивного вмешательства [1]. Продольные исследования подтвердили прогностический потенциал на уровне отдельных зубов [4]. Индекс SMDI позволяет количественно оценивать дисбиоз и мониторировать ответ на терапию [3]. ИИ выявляет дисбиотические паттерны до клинических проявлений, открывая перспективы раннего выявления рецидивов.

Заключение

ИИ-анализ микробиоценоза демонстрирует высокую прогностическую значимость (AUC до 0,96). Выявление ядерного набора биомаркеров и

разработка индексов дисбиоза позволяют диагностировать заболевание и прогнозировать его течение на уровне отдельных сегментов зубного ряда, способствуя переходу к прецизионной стоматологии.

Литература

[1] Kim Y.-J. et al. Prediction of Chronic Periodontitis Severity Using Machine Learning Models Based On Salivary Bacterial Copy Number // Front. Cell. Infect. Microbiol. 2020. DOI: 10.3389/FCIMB.2020.571515

[2] Kageyama S. et al. Performance of salivary microbiota in detecting periodontitis using a machine learning approach // Front. Cell. Infect. Microbiol. 2025. DOI: 10.3389/fcimb.2025.1631798

[3] Chen H. et al. SMDI: An Index for Measuring Subgingival Microbial Dysbiosis // J. Dent. Res. 2021. DOI: 10.1177/00220345211035775

[4] Shi B. et al. Dynamic Changes in the Subgingival Microbiome and Their Potential for Diagnosis and Prognosis of Periodontitis // mBio. 2015. DOI: 10.1128/MBIO.01926-14

[5] Szafrański S.P. et al. High-Resolution Taxonomic Profiling of the Subgingival Microbiome for Biomarker Discovery and Periodontitis Diagnosis // Appl. Environ. Microbiol. 2015. DOI: 10.1128/AEM.03534-14