



INTEGRATION OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE AND OMICS DATA FOR PREDICTING THE COURSE OF CHRONIC PERIODONTITIS

Usmonov Bakhtiyorjon Arobidin o'g'li

Nurmatov Bakhtibek Ulug'jon o'g'li

Andijan State Medical Institute, Andijan, Uzbekistan

Email: bakhteenurmatov@gmail.com

Article history:	Abstract:
Received: March 7 th 2026 Accepted: April 6 th 2026	Chronic periodontitis remains one of the most prevalent inflammatory pathologies of the oral cavity; however, its clinical course is characterized by significant inter-individual variability. Traditional diagnostics—based on assessing periodontal pocket depth, bleeding, and attachment loss—effectively reflect established pathological changes but are less effective at predicting the future progression of the disease process. Consequently, the integration of artificial intelligence and omics data—particularly microbiomics and proteomics—is of particular interest. Microbiome profiles enable the assessment of the degree of dysbiosis and the identification of taxa associated with inflammation, whereas proteomics reflects the functional state of tissues as well as the intensity of the inflammatory response and tissue destruction. Modern machine learning algorithms are capable of integrating these layers of information with clinical parameters to construct models aimed not only at diagnosis but also at predicting therapeutic response and the likelihood of disease progression. Nevertheless, the clinical implementation of such solutions remains limited due to study heterogeneity, a lack of standardized protocols, and insufficient external validation of the models. <i>Frontiers PMC PMC</i>

Keywords: chronic periodontitis, microbiome, proteomics, artificial intelligence, machine learning, biomarkers, prediction.

ИНТЕГРАЦИЯ ИСКУССТВЕННОГО ИНТЕЛЛЕКТА И ОМИКСНЫХ ДАННЫХ ДЛЯ ПРОГНОЗИРОВАНИЯ ТЕЧЕНИЯ ХРОНИЧЕСКОГО ПАРОДОНТИТА

Усмонов Бахтиёржон Аробидин ўғли

Нурматов Бахтибек Улуғжон ўғли

Андижанский Государственный Медицинский Институт, Андижан, Узбекистан

Email: bakhteenurmatov@gmail.com

Аннотация

Хронический пародонтит остается одной из наиболее распространенных воспалительных патологий полости рта, при этом его клиническое течение отличается выраженной межличностной вариативностью. Традиционная диагностика, основанная на оценке глубины пародонтальных карманов, кровоточивости и потери прикрепления, хорошо отражает уже сформировавшиеся изменения, но в меньшей степени позволяет прогнозировать дальнейшее развитие процесса. В связи с этим особый интерес вызывает интеграция искусственного интеллекта и омиксных данных, прежде всего микробиомики и протеомики. Микробиомные профили позволяют оценивать степень дисбиоза и выявлять таксоны, ассоциированные с воспалением, тогда как протеомика отражает функциональное состояние тканей, интенсивность воспалительного ответа и деструкции. Современные алгоритмы машинного обучения способны объединять эти слои информации с клиническими параметрами, формируя модели, ориентированные не только на диагностику, но и на прогнозирование ответа на терапию и вероятности прогрессирования заболевания. Вместе с тем клиническое внедрение таких решений пока ограничено гетерогенностью исследований, отсутствием стандартизованных протоколов и недостаточной внешней валидацией моделей. *Frontiers PMC PMC*

Ключевые слова: хронический пародонтит, микробиом, протеомика, искусственный интеллект, машинное обучение, биомаркеры, прогнозирование.

Введение



В последние годы пародонтит все чаще рассматривается не как следствие присутствия одного или нескольких «ключевых» возбудителей, а как результат сложного взаимодействия микробного дисбиоза, иммуновоспалительного ответа хозяина и факторов среды. Такой взгляд делает очевидным ограничение традиционной модели, в которой клиницист опирается преимущественно на уже имеющиеся морфофункциональные изменения. Фактически врач часто фиксирует последствия процесса, а не его молекулярные предпосылки. Именно поэтому переход от описательной диагностики к прогнозной модели становится одной из центральных задач современной пародонтологии. [Wiley PubMed](#)

Искусственный интеллект в этом контексте представляет интерес не как замена клиническому мышлению, а как инструмент интеграции больших массивов данных. В обзоре Pitchika и Büttner подчеркивается, что персонализированная диагностика в пародонтологии должна опираться на анализ клинической информации, изображений и молекулярных профилей, поскольку именно их совокупность позволяет приблизиться к модели прецизионной медицины. Иными словами, сама по себе цифровизация не решает проблему прогноза, если она не подкреплена биологически значимыми маркерами заболевания. [PubMed](#)

Микробиом как источник прогностической информации

Наиболее разработанным направлением сегодня является анализ орального микробиома. Современные исследования показывают, что при пародонтите возрастает представленность таксонов, традиционно связанных с воспалением и тканевой деструкцией, включая *Porphyromonas gingivalis*, *Tannerella forsythia*, *Treponema denticola*, *Filifactor alocis*, *Fusobacterium nucleatum* и ряд других анаэробов, тогда как для периодонтального здоровья более характерны *Streptococcus oralis* subsp. *dentisani*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Rothia aeria* и некоторые комменсальные стрептококки. Особенно важно, что диагностическую ценность имеет не только наличие отдельных видов, но и вся конфигурация микробного сообщества. [Frontiers](#)

Показательно, что модели машинного обучения, обученные на данных слюнного микробиома, уже демонстрируют высокую точность в различении здоровья и пародонтита. В исследовании Kim и соавт. для прогнозирования тяжести хронического пародонтита использовались нейронная сеть,

случайный лес, метод опорных векторов и регуляризованная логистическая регрессия. При сравнении здоровых пациентов с больными умеренным и тяжелым пародонтитом средняя точность составила 0,93, а AUC — 0,96, что подтверждает высокую информативность комбинаций бактериальных маркеров в слюне. При этом наилучшие результаты давали не одиночные патогены, а их сочетания. [Frontiers](#)
Однако микробиомные данные требуют особенно осторожной интерпретации. Они являются композиционными по своей природе, то есть отражают относительные, а не абсолютные величины. Это повышает риск ложных корреляций, если использовать стандартные статистические процедуры без соответствующей трансформации. Reiman и соавт. показали, что для интеграции мультиомных данных при пародонтите принципиально важны методы compositional data analysis, в частности clr-трансформация, поскольку именно они позволяют корректно сопоставлять микробиом, метаболом и воспалительные маркеры. Следовательно, надежность ИИ-модели определяется не только архитектурой алгоритма, но и тем, насколько грамотно подготовлены входные данные. [PMC](#)

Протеомика: от маркеров воспаления к функциональному портрету заболевания

Если протеомика отвечает прежде всего на вопрос, какое сообщество связано с болезнью, то протеомика помогает понять, какое функциональное состояние сопровождает эту болезнь. Белковый профиль слюны и десневой жидкости отражает активность воспаления, ремоделирование тканей, окислительный стресс и особенности иммунного ответа. Именно поэтому протеомные данные рассматриваются как мост между микробным дисбиозом и клиническими проявлениями пародонтита. [PMC PMC](#)

Систематический обзор Corana и соавт. показал, что среди наиболее последовательно повышенных в слюне при пародонтите белков встречаются complement C3, profilin-1, S100A8 и fibrinogen, тогда как cystatin SN и leukocyte elastase inhibitor чаще ассоциированы с периодонтальным здоровьем. В то же время авторы подчеркивают, что доказательная база пока не является безупречной: исследования различаются по качеству, протоколам забора материала, методам обработки и даже единицам измерения. Только немногие работы включали внешнюю валидацию, без которой трудно говорить о реальной воспроизводимости результатов. [PMC](#)



Для практической стоматологии особенно интересны не только сложные масс-спектрометрические панели, но и более «приближенные к креслу» белковые маркеры. В современном обзоре по слюнным и микробиомным биомаркерам подчеркивается, что наиболее воспроизводимыми и близкими к клинической трансляции остаются IL-1 β и активный MMP-8. Другие группы маркеров — микроРНК, внеклеточные везикулы, метаболиты — выглядят перспективно, но пока сохраняют исследовательский статус. [MDPI](#)

Почему именно интеграция микробиома и протеомики выглядит наиболее перспективной

С клинической точки зрения ни микробиом, ни протеомика по отдельности не дают исчерпывающей картины. Даже наличие выраженного дисбиоза не всегда означает активное разрушение тканей, а повышение отдельных воспалительных белков не позволяет понять, какие микробные сигнатуры лежат в основе процесса. Именно поэтому все большее внимание привлекают мультимаркерные и мультиомные модели, в которых объединяются микробные, белковые и клинические параметры. [PMC](#) [PMC](#)

Очень показательным исследованием является работа Вао и соавт., в котором сравнивались слюна, поддесневой налет, десневая жидкость и сыворотка крови у пациентов с пародонтитом. Авторы пришли к выводу, что слюна хорошо подходит для широкого микробиомного и протеомного скрининга, тогда как поддесневой налет дает более точную информацию о локальных патогенах, непосредственно связанных с пародонтальным карманом. Иначе говоря, для массового неинвазивного скрининга удобнее использовать слюну, а для точного локального профилирования — зубной налет. Уже этот вывод сам по себе подсказывает модель будущих ИИ-решений: первичный скрининг по слюне, последующая стратификация риска и, при необходимости, углубленный локальный анализ. [PMC](#)

Роль искусственного интеллекта в прогнозировании течения заболевания

Наиболее реалистичный вклад искусственного интеллекта сегодня заключается не столько в «автономной постановке диагноза», сколько в выявлении сложных паттернов, которые трудно уловить при обычном анализе. Систематический обзор и мета-анализ AI-моделей для диагностики пародонтита показал, что алгоритмы, использующие слюнные, микробиомные и иммунологические

биомаркеры, достигают сводной AUC 0,92 при чувствительности 0,89 и специфичности 0,87. Наиболее часто и успешно применялись random forest и нейронные сети. Эти данные подтверждают высокую прикладную ценность ИИ, но одновременно указывают, что такие модели пока следует рассматривать как вспомогательные, а не самостоятельные клинические инструменты. [PMC](#) Если говорить именно о прогнозировании течения хронического пародонтита, наиболее убедительные на сегодня данные касаются предсказания ответа на лечение. В исследовании Al-Sharqi и соавт. комбинация микробиологических показателей и слюнных белков использовалась для прогноза исходов нехирургической пародонтальной терапии. qPCR-определение *P. gingivalis* и *F. nucleatum* в биопленке, а также уровни MMP-9, GST и Annexin-1 в слюне позволяли прогнозировать как локальные, так и общие исходы лечения. Повышенное содержание *P. gingivalis* и большая исходная глубина кармана были связаны с менее благоприятным локальным ответом, тогда как высокий уровень MMP-9 ассоциировался с худшими общими результатами, а GST и Annexin-1 — напротив, с большей вероятностью успешного закрытия карманов. [MDPI](#)

Таким образом, ИИ в сочетании с мультиомикой уже сегодня позволяет решать как минимум три практические задачи: стратифицировать пациентов по риску, прогнозировать вероятность неблагоприятного течения и заранее выявлять тех, у кого стандартная нехирургическая терапия может оказаться недостаточно эффективной. В перспективе это открывает путь к по-настоящему персонализированным лечебным стратегиям, когда выбор интенсивности терапии будет основываться не только на клинической картине, но и на молекулярном профиле заболевания. [PubMed](#) [PMC](#)

Ограничения и нерешенные вопросы

Несмотря на впечатляющие результаты, внедрение ИИ-моделей в рутинную пародонтологическую практику пока остается ограниченным. Главные препятствия хорошо известны: малые и неоднородные выборки, отсутствие единых определений клинических исходов, различия в протоколах забора слюны и налета, недостаточная внешняя валидация и высокий риск переобучения. Дополнительную проблему создает «смещение спектра», когда модель обучается на контрастных группах «здоровые против тяжелых случаев», но затем работает хуже в реальной клинической среде, где встречаются пограничные и смешанные формы. [PMC](#) [PMC](#)



Для мультиомных исследований характерна и еще одна особенность: высокая размерность данных при сравнительно небольшом числе наблюдений. Это означает, что даже статистически значимые сигналы могут оказаться случайными, если не применять жесткие поправки на множественные сравнения и независимую проверку моделей. Поэтому дальнейшее развитие этого направления должно включать стандартизацию преаналитики, прозрачную отчетность, мультицентровые когорты и обязательную внешнюю валидацию. Только при соблюдении этих условий можно говорить о переходе от исследовательских платформ к клинически надежным системам поддержки решений. [PMC](#) [PMC](#) [PMC](#)

Заключение

Интеграция искусственного интеллекта и омиксных данных является одним из наиболее перспективных направлений развития современной пародонтологии. Микробиомика позволяет выявлять дисбиотические сообщества, связанные с воспалением и прогрессированием заболевания, тогда как протеомика раскрывает функциональные изменения в тканях и жидкостях полости рта. Искусственный интеллект, в свою очередь, обеспечивает объединение этих разнотипных данных с клиническими параметрами и делает возможным построение более точных прогностических моделей. Наиболее сильная сторона такого подхода заключается в переходе от статичной диагностики к оценке индивидуального риска и вероятности ответа на лечение. [Frontiers](#) [MDPI](#) [PMC](#)

Вместе с тем на данном этапе следует избегать чрезмерного оптимизма. Доступные данные убедительно показывают потенциал ИИ и мультиомики, но пока не устраняют потребности в клиническом осмотре, пародонтологическом зондировании и экспертной интерпретации результатов. Наиболее вероятный сценарий ближайшего будущего — не замещение врача алгоритмом, а появление гибридных диагностических систем, где ИИ будет усиливать возможности клинициста, помогая принимать более точные и персонализированные решения. [PubMed](#) [PMC](#)

Список литературы

1. Pitchika V, Büttner M. Artificial intelligence and personalized diagnostics in periodontology: A narrative review. *Periodontology* 2000. 2024;95(1):220-231. DOI: 10.1111/prd.12586. [PubMed](#)

2. Regueira-Iglesias A, et al. The salivary microbiome as a diagnostic biomarker of periodontitis. *Front Cell Infect Microbiol.* 2024. [Frontiers](#)
3. Kim EH, et al. Prediction of chronic periodontitis severity using machine learning models based on salivary bacterial copy number. *Front Cell Infect Microbiol.* 2020. [Frontiers](#)
4. Al-Sharqi AJB, et al. Microbiological and salivary biomarkers successfully predict the outcome of non-surgical periodontal therapy by machine learning. *J Clin Med.* 2024;13(14):4256. [MDPI](#)
5. Radu CM, et al. Salivary and microbiome biomarkers in periodontitis. *Medicina.* 2025;61(10):1818. [MDPI](#)
6. Corana M, et al. Salivary proteomics for detecting novel biomarkers of periodontitis: A systematic review. *J Periodontal Res.* 2025. [PMC](#)
7. Bao K, et al. Saliva versus all-site microbiome and proteome mapping in periodontitis. *J Clin Periodontol.* 2025. [PMC](#)
8. Biesiadecki M, et al. Advanced diagnostic technologies and molecular biomarkers in periodontitis and its systemic connections: A narrative review. *J Clin Med.* 2026;15(3):1142. [PMC](#)
9. Reiman D, et al. Compositional data analysis of periodontal disease microbial communities. *Front Microbiol.* 2021;12:617949. [PMC](#)
10. Artificial Intelligence Models for Diagnosis of Periodontitis Using Salivary, Microbiome, or Immunologic Biomarkers: A Systematic Review and Meta-Analysis. 2025. [PMC](#)