

Микробиом нижних отделов женского репродуктивного тракта на ранних сроках беременности / The microbiome of the lower female reproductive tract in early pregnancy

Грязнова М.В. / Gryaznova M.V.
Козаренко О.Н. / Kozarenko O.N.

Воронежский государственный университет инженерных технологий, Воронеж, Россия /
Voronezh State University of Engineering Technologies, Voronezh, Russia
Научные руководители: Попов В.Н. / Popov V.N., Лебедева О.П. / Lebedeva O.P.

Введение

Исследованию микробиома женских половых путей в настоящее время уделяется большое значение. Создана классификация типов влагалищного микробиома у женщин репродуктивного возраста [1]. Известно, что особенности микробиома могут зависеть от образа жизни, питания и этнической принадлежности [2]. Однако изучение микробиома нижних отделов женского репродуктивного тракта в популяции российских женщин не проводилось.

Цель

Оценить микробиом нижних отделов женских половых путей на ранних сроках беременности.

Материалы и методы

Здоровые женщины (n=11) с одноплодной беременностью были включены в исследование при первой явке в женскую консультацию (8-11 недель гестации) после получения их информированного согласия. Проанализированы микробиомы пациенток, у которых беременность закончилась срочными родами (n=9). Сбор материала производили цитощеткой (цервикальный канал) и вагинальным тампоном (влагалище).

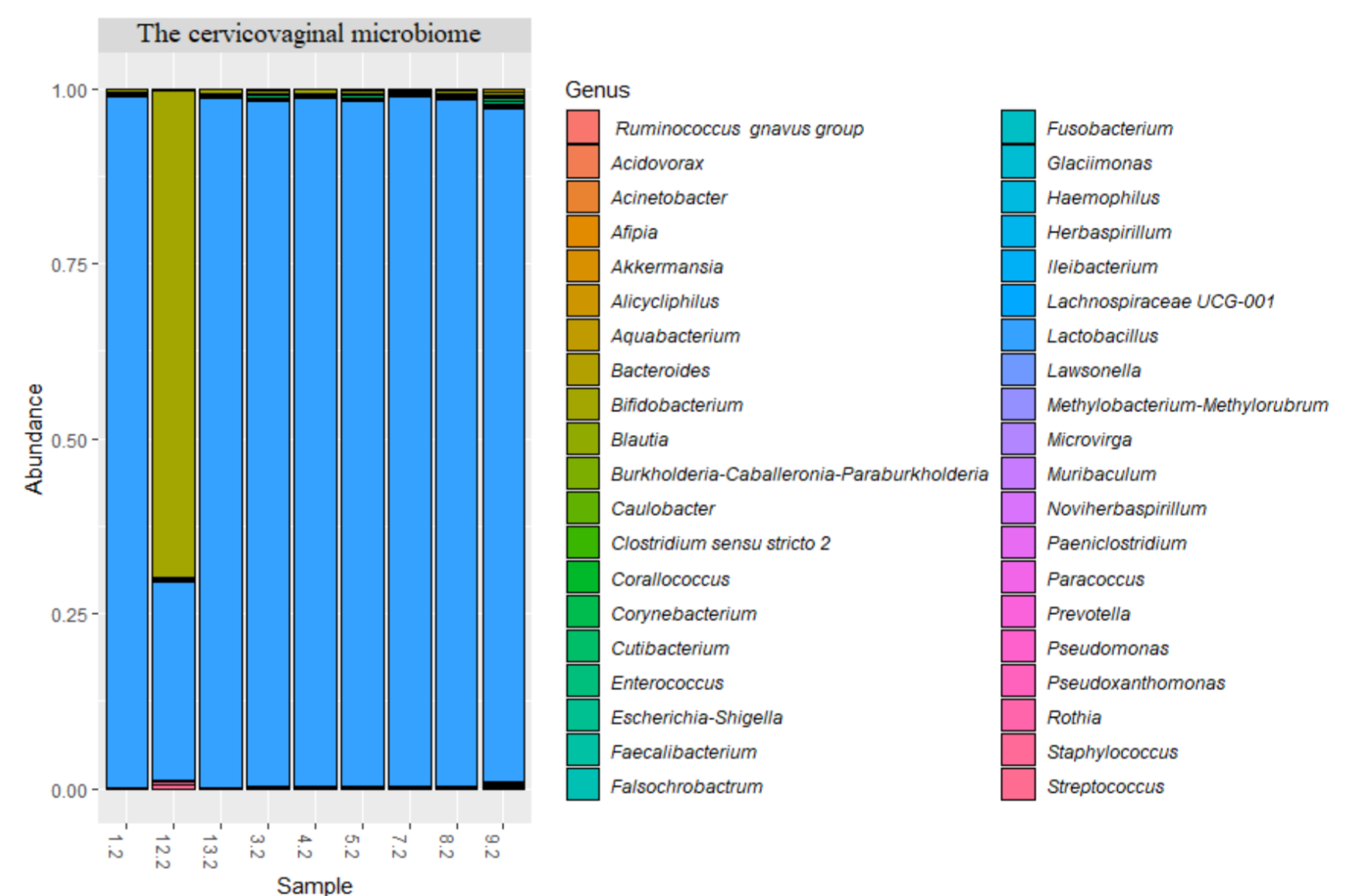
ДНК выделяли с помощью набора ZymoBiomics DNA Miniprep Kit. Концентрацию ДНК измеряли с помощью флуориметра Qubit 2.0.

Ген 16S rRNA амплифицировали с помощью праймеров 337F и 518R с ограничением гипервариабельного региона V3. Библиотеки секвенирования готовили с помощью набора NEBNext Fast DNA Library Prep kit. Секвенирование проводили на платформе Ion Torrent PGM. Биоинформатическую обработку и данных и определение таксономии проводили в RStudio. Уникальные риды идентифицировали с помощью пакета DADA2. Для всех ридов была проведена фильтрация низкокачественных прочтений с использованием максимального порога ожидаемой ошибки, равного 1.0. Таксономию определяли до уровня рода с использованием базы данных SILVA версии 132.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ № 22-24-00802

Результаты

В образцах было обнаружено 47 видов микроорганизмов. В наибольшем количестве были обнаружены *Lactobacillus iners* (83.29%) и *Bifidobacterium longum* (14.40%). Концентрация других микроорганизмов была менее 1%. У восьми из девяти в микробиоме преобладали *L. iners* (CST III), у одной пациентки – *B. longum* (CST IV-C3).



Выводы

Таким образом, в популяции российских женщин в I триместре беременности наиболее распространенным типом микробиома нижних отделов женских половых путей является CSTIII, для которого характерно преобладание *L. iners*.

Библиография

1. France MT, Ma B, Gajer P, et al. VALENCIA: a nearest centroid classification method for vaginal microbial communities based on composition. *Microbiome*. 2020;8(1):166. doi:10.1186/s40168-020-00934-6
2. Wells JS, Chandler R, Dunn A, Brewster G. The Vaginal Microbiome in U.S. Black Women: A Systematic Review. *Journal of Women's Health*. 2020;29(3):362-375. doi:10.1089/jwh.2019.7717



Всероссийский конгресс по медицинской микробиологии,
клинической микологии и иммунологии (XXV Кашкинские чтения)
8-10 июня 2022 г., Санкт-Петербург, Россия