

Área: CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Projeto: PARTICIPAÇÃO BACTERIANA, FÚNGICA E VIRAL EM INFECÇÕES CÉRVICO-VAGINAIS EM JUIZ DE FORA/MG: ESTUDO QUALITATIVO SOBRE ETIOLOGIA, RECORRÊNCIA E PERFIL DE SUSCEPTIBILIDADE A ANTIMICROBIANOS.

Autores: LUCIANA DE SOUZA TALHA (XXII PIBIC/XXVI BIC/UFJF); ALINE AUGUSTA SAMPAIO FERNANDES (PROBIC/FAPEMIG 2013-2014); LAURA MARIA ANDRADE DE OLIVEIRA (COLABORADOR); ALESSANDRA BARBOSA FERREIRA MACHADO (COLABORADOR); CLÁUDIO GALUPPO DINIZ (COLABORADOR); VANIA LUCIA DA SILVA (ORIENTADOR);

Resumo: A vaginose bacteriana (VB) é uma síndrome de etiologia polimicrobiana caracterizada principalmente pelo decréscimo de *Lactobacillus* sp. e da proliferação excessiva de microrganismos anaeróbios vaginais, como a *Gardnerella vaginalis*, *Mobiluncus* sp. e *Atopobium vagiane*. Normalmente, a VB ocorre em mulheres na idade reprodutiva, e vem acompanhada pela elevação do pH vaginal, além de corrimento vaginal fétido. Esse trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade bacteriana em amostras de secreção vaginal e determinar qualitativa e quantitativamente a ocorrência dos filos Actinobacteria, Firmicutes, α -Proteobactéria, β -Proteobactéria e γ - Proteobactéria, em mulheres saudáveis e com VB, com utilização das técnicas de Hibridização Fluorescente in Situ (FISH) e Gel de Gradiente Desnaturante (DGGE), com oligonucleotídeo específico para o rDNA 16S. No período de abril de 2011 a abril de 2012, foi coletada secreção vaginal de 72 mulheres com e sem o diagnóstico clínico da doença, provenientes de pacientes atendidas em consultório ginecológico particular da cidade de Juiz de Fora/MG e no Serviço de Ginecologia do HU-CAS/UFJF. O DNA genômico total dessas secreções foi extraído utilizando o QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN), seguindo as recomendações do fabricante. Para a realização da técnica do FISH foram utilizadas cinco sondas de oligonucleotídeos, marcadas com o fluoróforo Cy3 para posterior análise microscópica. O padrão de bandas gerado pelo DGGE foi utilizado para análise dos perfis de similaridade. Não houve diferenciação entre os grupos saudáveis e doentes, pela técnica do FISH, em nenhum dos cinco filos analisados. Os perfis de bandas das amostras da mesma classificação de *status* de saúde tanto do domínio Bacteria quanto dos filos Firmicutes e Actinobacteria, com algumas exceções, tenderam a se agrupar juntas, porém em *clusters* separados. Tais fatos sugerem que tanto entre as mulheres com VB ou não a composição filogenética da microbiota vaginal é diversa e complexa. A utilização de métodos moleculares permite o acompanhamento de alterações na composição das comunidades microbianas vaginais de maneira contínua. Tal fato pode contribuir tanto para o desenvolvimento de ferramentas que auxiliem no diagnóstico de mulheres acometidas pela VB, especialmente as pacientes assintomáticas, e também pode contribuir com a melhoria e otimização dos regimes terapêuticos adotados na prática clínica para o tratamento da VB.

Apoio: FAPEMIG, CNPq, PROPESQ/UFJF