

MICROBIOTA VAGINALE IN CORSO DI INFEZIONI DEL TRATTO GENITALE

M. Salvo³, C. Foschi³, C. Parolin¹, C. Ceccarani², A. D'antuono⁴, V. Gaspari⁴, C. Consolandi², M. Severgnini², B. Vitali¹, A. Marangoni³

¹Dipartimento di Farmacia e Biotecnologie, Università di Bologna, Bologna

²Istituto di Tecnologie Biomediche, CNR, Segrate, Milano

³Microbiologia, DIMES, Università di Bologna, Bologna

⁴U.O. Dermatologia, Policlinico Sant'Orsola-Malpighi, Bologna

INTRODUZIONE

Nel tratto genitale femminile coesistono diverse specie batteriche in un equilibrio dinamico, che può variare in risposta a molteplici fattori quali età, gravidanza, uso di farmaci, infezioni o patologie croniche.

Le infezioni genitali e le disbiosi colpiscono ogni anno oltre un miliardo di donne, con un significativo impatto sulla qualità di vita e sulla salute riproduttiva.

La vaginosi batterica (BV) è la disbiosi più comune, caratterizzata da una riduzione delle specie normalmente dominanti (*Lactobacillus*), che vengono sostituite da una comunità polimicrobica anaerobia. Tra le infezioni urogenitali più comuni si riscontrano la candidiasi vulvovaginale e le infezioni da *Chlamydia trachomatis* (CT), che rappresentano la più comune infezione batterica a trasmissione sessuale nel mondo.

L'obiettivo di tale lavoro è stato quello di analizzare la composizione del microbiota vaginale in donne con diverse condizioni fisiologiche e patologiche del tratto genitale.

METODI

Sono state incluse nello studio 21 donne sane, 20 donne con BV, 18 con candidiasi vaginale e 21 con infezione da CT. Per lo studio del microbiota, è stato estratto il DNA genomico a partire da un tampone vaginale e successivamente sono state amplificate e sequenziate le regioni V3-V4 del gene 16S rRNA batterico (MiSeq Illumina).

La classificazione tassonomica è stata condotta fino al livello di genere per tutti i microrganismi, ad eccezione dei lattobacilli, che sono stati identificati fino a livello di specie, per mezzo di un database specifico di riferimento. Per valutare la variabilità della composizione del microbiota inter- e intra-gruppo, sono state eseguite valutazioni di α - e β -diversità, rispettivamente.

RISULTATI

Le donne sane erano caratterizzate da un basso indice di α -diversità, con un microbiota dominato da diverse specie di lattobacilli (Firmicutes). Al contrario, le donne con BV mostravano il più alto grado di diversità microbica, con un microbiota depleto di lattobacilli e ricco di molteplici specie batteriche differenti.

Nelle donne con infezione da CT e candidiasi, la composizione del microbiota è apparsa simile, più vicina a quella delle donne sane rispetto, che a quelle con BV. Il microbiota vaginale di questi ultimi due gruppi, infatti, era sempre dominato da Firmicutes, ma la loro abbondanza relativa diminuiva progressivamente passando dalle donne sane a quelle con clamidia, candidiasi e BV.

CONCLUSIONI

I nostri risultati hanno confermato l'elevato grado di diversità tra il microbiota vaginale di donne sane e di donne con BV, e hanno dimostrato come la candidiasi e l'infezione da CT rappresentino una condizione intermedia fra questi due estremi.