

## RESEARCH ARTICLE

# Comparative analysis of vaginal microbiota sampling using 16S rRNA gene analysis

Seppo Virtanen<sup>1</sup>, Ilkka Kalliala<sup>1,2</sup>, Pekka Nieminen<sup>1</sup>, Anne Salonen<sup>3\*</sup>

Os autores investigaram os impactos dos dispositivos e locais anatômicos de coleta nos resultados quantitativos e qualitativos relevantes para a pesquisa da microbiota vaginal. Para isso, foram realizadas coletas com swab flocado, espátula plástica estéril e escova cervical no fôrnice, parede vaginal e colo do útero. Os resultados mostraram que o rendimento total de DNA foi fortemente dependente do dispositivo de coleta e, em menor grau, do local anatômico da coleta. Porém, todos os métodos de coleta testados produziram perfis de microbiota altamente comparáveis com base no sequenciamento MiSeq. A estratégia de coleta não afetou o rendimento proteico ou a carga bacteriana. O método de coleta explicou apenas 2% da variação geral da microbiota.

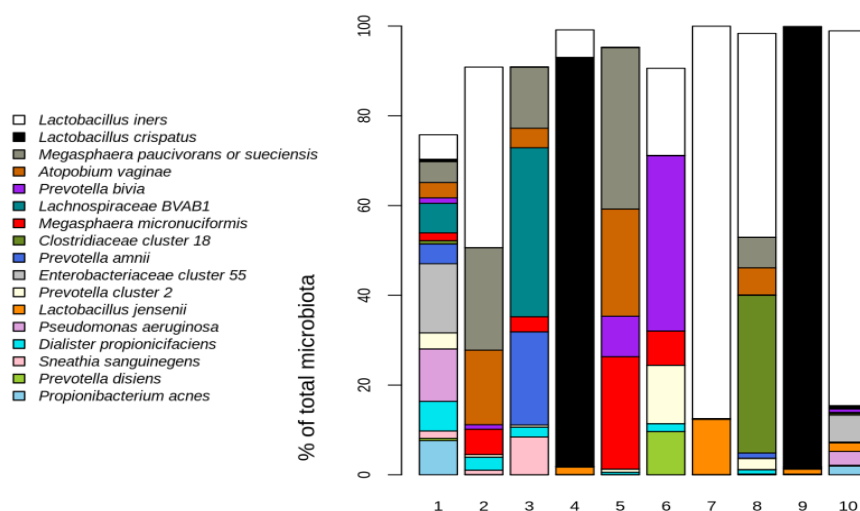


Figura 1. Proporção das espécies entre as 10 pacientes estudadas.

O gráfico mostra as bactérias mais abundantes (abundância relativa média > 0,01) por paciente, representando a abundância média derivada de todos os métodos de amostragem. Os pacientes 3, 5, 6 e 8 apresentavam vaginose bacteriana, conforme o exame de Papanicolaou no momento da amostragem. A paciente 1 deu à luz 2 meses antes da amostragem e atrofia pós-parto foi observada no exame de Papanicolau. A área não coberta pelas barras corresponde a táxons abaixo do limite de abundância.