



## SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2016
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	ASSOCIAÇÃO ENTRE MICROBIOTA FETAL, PREMATURIDADE E MORBIDADES DO RECÉM-NASCIDO PRÉ-TERMO
<b>Autor</b>	XANA MAITO MENDES
<b>Orientador</b>	RITA DE CÁSSIA DOS SANTOS SILVEIRA

**RESUMO:** As várias causas biológicas para partos prematuros permanecem desconhecidas. Múltiplas linhas de evidência são consistentes com a hipótese de que pode existir, no útero, a colonização do trato gastrointestinal fetal por micro-organismos provenientes da microbiota materna, seguido por uma resposta imune que contribui para o início do parto prematuro. A microbiota intestinal de prematuros se associa com maior risco de Enterocolite Necrosante e sepse. O mecônio não é estéril e a diversidade do microbioma nos recém-nascidos prematuros é maior que nos recém-nascidos a termo. Dado que suporta a hipótese de que o padrão de colonização aberrante se correlaciona com parto prematuro. No entanto, a associação do microbioma com partos prematuros ainda não foi estudada. Considerando que o nascimento prematuro continua sendo uma das principais causas de morbidade e mortalidade neonatal, investigar um mecanismo causal potencial de parto prematuro com base na colonização fetal com microbiota vaginal ou intestinal comensal normal, ao invés da infecção com um agente patogênico estabelecido é de grande valia. Sendo assim, o objetivo da nossa pesquisa é identificar associações entre o padrão da microbiota intestinal e vaginal com risco de parto prematuro e com a morbimortalidade em recém-nascidos pré-termos no Brasil. **Metodologia:** Estudo de coorte prospectivo. Inclusão de 50 gestantes com recém-nascidos saudáveis a termo nascidos no Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA) para estabelecer a microbiota normal; e inclusão de 200 mães e recém-nascidos pré-termo com  $\leq 32$  semanas de idade gestacional internados na Unidade de Neonatologia do HCPA. Estão sendo coletados das mães o Swab vaginal e amostras de fezes; dos recém-nascidos, o primeiro mecônio e amostras de fezes semanais até a alta dos recém-nascidos. Registros do leite consumido, medicamentos utilizados pelo recém-nascido, problemas de crescimento, episódios de diarreia, enterocolite necrosante (NEC) e sepse também são anotados. O tamanho da amostra foi calculado em 50 gestantes e recém-nascidos a termo, com um poder de 85%, com  $\alpha=0,05$  e 195 mães com recém-nascidos pré-termo com  $\leq 32$  semanas de idade gestacional, com um poder de 95% e  $\alpha=0,05$ . As amostras coletadas até o momento estão sendo armazenadas em nitrogênio líquido a  $-80^{\circ}\text{C}$  e sendo analisadas pela técnica de sequenciamento, 16S rRNA amplificação gradativamente. **Resultados:** Até abril de 2016, foram incluídas 44 parturientes saudáveis e seus recém-nascidos a termo e 136 recém-nascidos pré-termo com as respectivas coletas necessárias. Dentre os a termo, a maioria são do sexo masculino (63%) com peso médio ao nascimento de 3.314 gramas ( $\text{DP} \pm 292$  g). A idade gestacional média é de 38 semanas ( $\text{DP} \pm 0,7$  semanas). Já os pré-termo, 53% são meninas, com idade gestacional média de 29 semanas ( $\text{DP} \pm 2,7$  semanas). O peso médio ao nascimento foi de 1.331 gramas ( $\text{DP} \pm 481$  g). Dentre as morbidades apresentadas pelos pré-termo destacamos sepse, presente em 44%, e NEC, presente em 2,2%. Resultados preliminares, incluindo avaliação de swabs vaginais de 31 gestantes com nascimento espontâneo à termo e 9 gestantes com nascimentos espontâneo pré-termo mostraram que não há diferença na diversidade microbiana, entretanto três gêneros podem estar associados ao parto prematuro: WAL\_1855D ( $p = 0.01$ ), Porphyromonas ( $p = 0.03$ ) e Campylobacter ( $p = 0.03$ ). **Conclusão:** Recém-nascidos pré-termo apresentam diferentes exposições antes e após o nascimento, e podem apresentar um padrão preditor de pior prognóstico desde o nascimento a ser definido pelo mapeamento do microbioma materno-fetal e neonatal em andamento.