

Mikrobiom pochwy

Mikrobiom endometrium

- eubioza dróg rodnych jako element zdrowia intymnego i reprodukcyjnego kobiety

Organizm ludzki jest zasiedlany przez biliony mikroorganizmów – komensalnych, symbiotycznych, oportunistycznych, a czasem również patogennych. Wszystkie drobnoustroje (bakterie, grzyby, wirusy i archeony), zasiedlające określone nisze ciała człowieka, określa się terminem „mikrobiota”, natomiast termin „mikrobiom” oznacza zbiór ich genomów. Stosunkowo najlepiej poznany i najbardziej różnorodny jest mikrobiom przewodu pokarmowego, natomiast coraz więcej uwagi poświęcane jest mikrobiomom układu rozrodczego kobiety.

Diagnostyka+



Mikrobiota bakteryjna bytująca w pochwie i endometrium jest istotnym regulatorem procesów fizjologicznych i patologicznych, wpływając m.in. na integralność bariery nabłonkowej, odpowiedź immunologiczną i stan zapalny, co ma znaczenie dla:

- + zapobiegania infekcjom dróg rodnych,
- + implantacji zarodka i przebiegu ciąży.

U kobiet w wieku rozrodczym korzystny mikrobiom pochwy i endometrium najczęściej cechuje się przewagą bakterii z rodzaju *Lactobacillus*.

Badania mikrobiomu

Metody klasycznej mikrobiologii (posiewy) są cennym narzędziem analizy mikrobioty, jednak coraz częściej są zastępowane technologiami molekularnymi, analizującymi materiał genetyczny drobnoustrojów. W badaniach mikrobiomów bakteryjnych środowisk pochwy i endometrium standardem staje się sekwencjonowanie genu 16S rRNA.

Badanie metodą sekwencjonowania genu 16S rRNA ma wysoką czułość w środowiskach o niskiej biomasie (np. endometrium). Umożliwia względną ocenę ilościową wykrytych bakterii (profil procentowy) oraz zapewnia standaryzowane podejście do oceny mikrobiomu w badaniach klinicznych i naukowych.

Gen 16S rRNA występuje u wszystkich bakterii

- + umożliwienie detekcji wszystkich bakterii obecnych w próbce

Regiony hiperzmienne genu 16S rRNA:

- + różnicowanie rodzajów i – w niektórych przypadkach – gatunków
- + identyfikacja bakterii niemożliwych lub trudnych do wykrycia klasycznymi metodami
- + identyfikacja gatunkowa *Lactobacillus*

Mikrobiom pochwy

- + niska różnorodność biologiczna
- + dominacja *Lactobacillus*
- + pH ≤ 4,5

Kluczowa funkcja – ochrona przed patogenami poprzez:

- + utrzymanie kwaśnego pH i produkcję metabolitów antibakteryjnych,
- + konkurencję z patogenami o adhezję (*Lactobacillus* ma zdolność tworzenia wyjątkowo zwartego biofilmu) i składniki odżywcze.

Spadek udziału *Lactobacillus* i wzrost udziału bakterii beztlenowych może prowadzić do bakteryjnej waginozy, a także torować drogę zakażeniom przenoszonym drogą płciową.

Analiza mikrobiomu pochwy z zastosowaniem sekwencjonowania 16S umożliwia rozróżnienie gatunków *Lactobacillus*, co niesie dodatkowe informacje o kondycji środowiska bakteryjnego pochwy:

- + dominacja *L. crispatus* – najbardziej stabilny fenotyp
 - + intensywna produkcja kwasu mlekowego,
 - + niskie pH, silna ochrona przed infekcjami;
- + dominacja *L. iners* – często stan przejściowy
 - + mniejsza produkcja kwasu mlekowego,
 - + niższa ochrona, większa niestabilność mikrobiomu,
 - + nierzadko koreluje z dysbiozą, wiązany z przetrwałym zakażeniem HPV.

Ocena mikrobiomu pochwy jest wartościowym uzupełnieniem standardowej diagnostyki w przypadku:

- + nawracających infekcji intymnych,
- + utrzymującego się lub nawracającego HPV,
- + objawów dysbiozy przy niejednoznacznych wynikach klasycznej diagnostyki,
- + niepowodzeń położniczych (poronienia, porody przedwczesne),
- + niepłodności,
- + przygotowania do ciąży (naturalnej i IVF).

Przygotowanie pacjentki do badań mikrobiomu pochwy i/lub endometrium

1. Badanie można przeprowadzić po co najmniej:
 - + 4 tygodniach od antybiotykoterapii (informacje o zażywanych antybiotykach w ostatnich 3 miesiącach powinny zostać umieszczone na zleceniu),
 - + 7 dniach od zakończenia stosowania preparatów dopochwowych, antyseptyków, probiotyków,
 - + 48 godzinach od zakończenia stosowania maści zewnętrznych.
2. Na 24 godziny przed pobraniem należy zrezygnować ze współżycia płciowego oraz ograniczyć zabiegi higieniczno-pielęgnacyjne okolicy narządów płciowych.
3. Zachować 1 dzień przerwy po badaniu ginekologicznym lub USG ginekologicznym.
4. Nie należy wykonywać badania w czasie krwawienia miesięczkowego.
5. Badania mikrobiomu endometrium nie należy wykonywać u ciężarnych.

	5556 Mikrobiom pochwy – sekwencjonowanie 16S	5565 Mikrobiom endometrium – sekwencjonowanie 16S
Materiał	Wymaz z pochwy	Aspirat z jamy macicy
Sposób pobrania	FLOQSwabs Regular (Copan)	Cewnik aspiracyjny (np. Pipelle)
Podłoże transportowe	eNAT bulk (Copan) – zabezpiecza pobraną próbkę na 7 dni w temperaturze pokojowej; w czasie upałów przechowywać i transportować w 2–8°C.	

Mikrobiom endometrium

- + środowisko niskobakteryjne (low biomass), długo uznawane za jałowe, obecnie potwierdzono istnienie mikrobiomu
- + korzystna dominacja *Lactobacillus*

Kluczowa funkcja – utrzymywanie immunologicznej i mikrośrodowiskowej równowagi, co ma wpływ na:

- + receptywność endometrium,
- + prawidłową implantację zarodka.

Dominacja *Lactobacillus* związana jest z:

- + lepszymi wynikami IVF,
- + większym prawdopodobieństwem implantacji.

UWAGA: niski udział *Lactobacillus* nie zawsze musi wskazywać na zaburzenia mikrobiomu endometrium, w związku z tym interpretacja wyniku powinna być zawsze dokonywana w kontekście pełnego obrazu klinicznego.

Dysbioza (obecność bakterii takich jak *Gardnerella*, *Prevotella*, *Streptococcus*) może powodować:

- + przewlekłe zapalenie endometrium,
- + niepowodzenia implantacji.

Ocena mikrobiomu endometrium jest wartościowym uzupełnieniem standardowej diagnostyki w przypadku:

- + nawracających poronień,
- + nawracających niepowodzeń implantacji (RIF),
- + przygotowania do procedur IVF/ART,
- + podejrzenia przewlekłego zapalenia endometrium,
- + niepłodności o niejasnej etiologii.

Raport wyników mikrobiomu pochwy lub endometrium

Raport przedstawia względny udział (%) wykrytych rodzajów bakterii oraz identyfikację gatunków z rodzaju *Lactobacillus* i innych przedstawicieli rodziny *Lactobacillaceae*, wykrytych na poziomie przekraczającym 1%.

Identyfikacja gatunków *Lactobacillus* ma istotne znaczenie kliniczne, ponieważ poszczególne gatunki różnią się potencjałem ochronnym. Np. dominacja *L. crispatus* jest wiązana ze stabilnym mikrobiomem i niższym ryzykiem infekcji oraz stanów zapalnych, natomiast przewaga *L. iners* może wskazywać na większą podatność na zaburzenia i nawracające infekcje. Rozróżnienie gatunków dostarcza więc bardziej szczegółowych informacji o stanie mikrobiomu niż sama ocena obecności bakterii z rodzaju *Lactobacillus*.

Wynik badania może stanowić podstawę do:

- + oceny składu mikrobiomu bakteryjnego pochwy/endometrium i identyfikacji cech dysbiozy,
- + interpretacji potencjalnego wpływu mikrobiomu na płodność,
- + podejmowania decyzji dotyczących postępowania terapeutycznego w kontekście obrazu mikrobiomu, oraz danych klinicznych pacjentki,
- + planowania dalszej diagnostyki,
- + monitorowania zmian mikrobiomu w trakcie i po leczeniu.

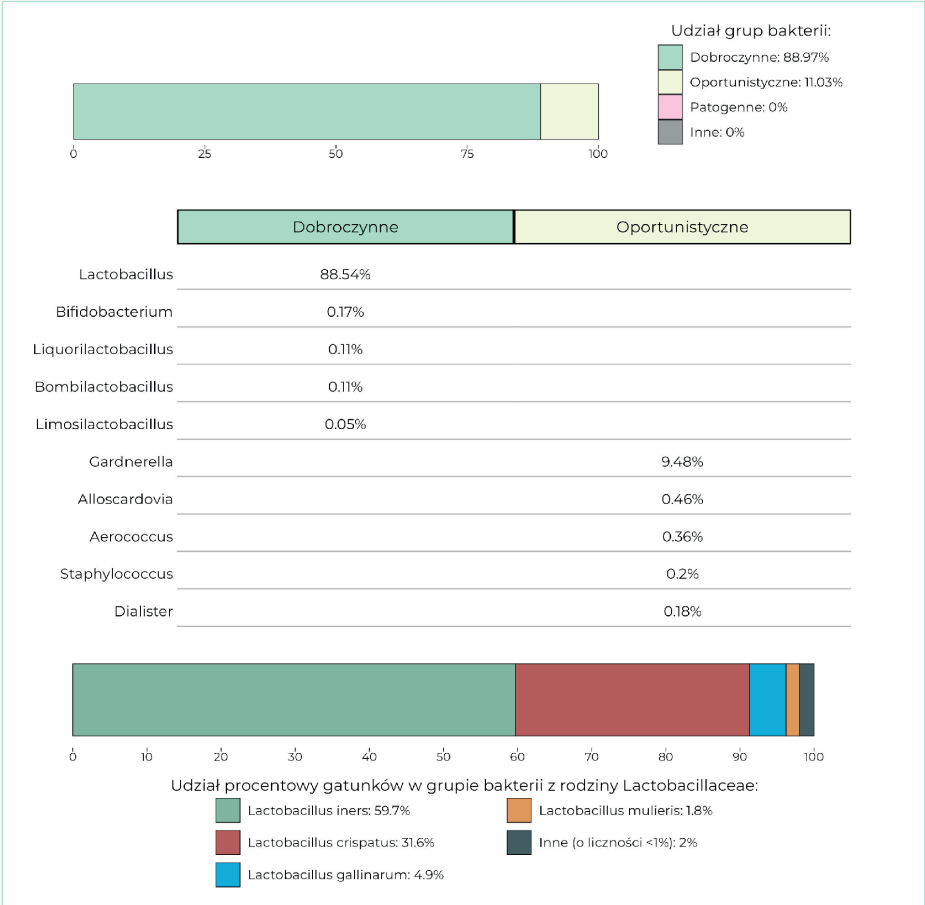
Badanie nie dostarcza informacji o antybiotykowrażliwości wykrytych bakterii.

Piśmiennictwo:

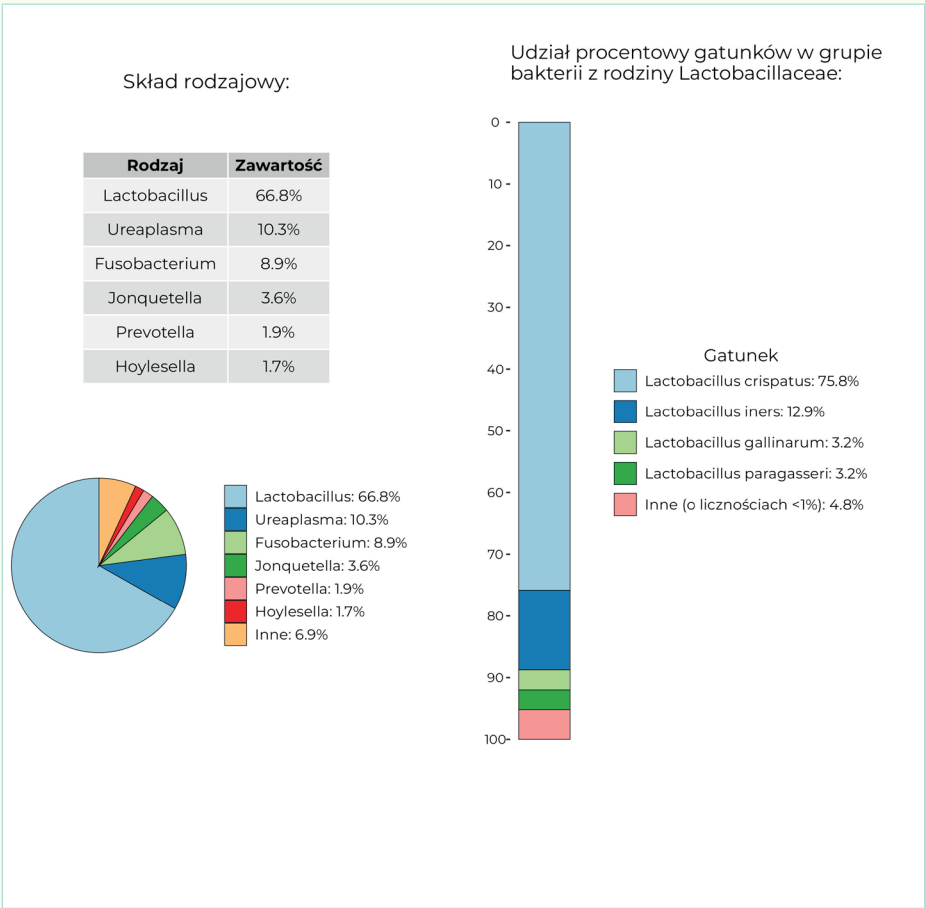
1. Wang R., Cao Q., Qiao X., Zhong Y., Bo W., Huang X., Li Y., Huang W. Vaginal and Endometrial Microbiota Dysbiosis in Patients with Chronic Endometritis: A Systematic Review and Meta-Analysis. 2026. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*.
2. Karadbajne P., More A., Dzoagbe H.Y. The Role of Endometrial Microbiota in Fertility and Reproductive Health: A Narrative Review. 2025. *Cureus*.
3. Stoyancheva G., Mihaylova N., Gerginova M., Krumova E. Endometrial Microbiome and Reproductive Receptivity: Diverse Perspectives. 2025. *International Journal of Molecular Sciences*.
4. Gao X., Louwers Y.V., Laven J.S.E., Schoenmakers S. Clinical Relevance of Vaginal and Endometrial Microbiome Investigation in Women with Repeated Implantation Failure and Recurrent Pregnancy Loss. 2024. *International Journal of Molecular Sciences*.
5. France M.T., Ma B., Gajer P., Brown S., Humphrys M.S., Holm J.B., Waetjen L.E., Brotman R.M., Ravel J. VALENCIA: A Nearest Centroid Classification Method for Vaginal Microbial Communities. 2020. *Microbiome*.
6. Mitra A., MacIntyre D.A., Lee Y.S., Smith A., Marchesi J.R., Lehne B., Bhatia R., Lyons D., Paraskevaidis E., Li J.V., Holmes E., Kyrgiou M. Cervical intraepithelial neoplasia disease progression is associated with increased vaginal microbiome diversity. 2015. *Scientific Reports*.



Przykładowe wyniki:



5556 Mikrobiom pochwy
– sekwencjonowanie 16S



5565 Mikrobiom endometrium
– sekwencjonowanie 16S

