**Composição da microbiota vaginal feminina: Identificação molecular dos principais patógenos relacionados à vaginose bacteriana.**

Pereira, Lívia C.1,2; Araújo, Ana Paula C1.; Cardoso, Antonio C.S1; Nóbrega,Ylanna K.M3;

Almeida, Rosane M.1; Nóbrega, Yanna K. de M.1. 1Laboratório de Microbiologia e Imunologia Clínica, Departamento de Farmácia, Faculdade de Ciências Da Saúde, Universidade de Brasília (UnB), Campus Darcy Ribeiro, Brasília-DF, 70900-910, Brasil; 2Clínica de Patologia Vulvar, Departamento de Ginecologia, Hospital Universitário de Brasília (HUB), Universidade de Brasília (UnB), 3 3Laboratorio Diagnostico Euroexame/ Laboratorio Certificado Internacional, Quadra SGAS 614, Sala 33, Edífício Vitrium, Asa Sul, Brasilia, DF, 70200-740, Brasil; liviacp78@gmail.com

A vaginose bacteriana (VB) é a infecção vaginal mais prevalente que acomete mulheres em idade fértil, estando associada a inúmeros fatores de risco. Uma Microbiota vaginal (MBV) composta predominantemente por *Lactobacillus* spp. é protetora e previne as infecções do trato genital. O diagnóstico da VB é comumente realizado através da presença de sinais e sintomas clínicos e por critérios como: aferição de pH vaginal, teste das aminas, microscopia a fresco ou bacterioscopia pela coloração de gram (índice de Nugent). No entanto, em muitos casos, o diagnóstico clínico pode ser impreciso ou incorreto, sendo o emprego de métodos moleculares uma ferramenta de maior precisão, por ser possível identificar e quantificar os micro-organismos que compõe a MBV, permitindo sua classificação. O objetivo deste estudo foi categorizar e analisar as principais espécies causadoras de VB e as principais espécies de *Lactobacillus* que compõem a microbiota vaginal, identificadas e quantificadas no exame diagnóstico que emprega a técnica de RT-PCR. Foram incluídas 225 pacientes e foram classificadas a microbiota vaginal de 217 mulheres, sendo 8 não classificadas por não terem nenhum tipo de micro-organismo identificado na amostra. As microbiotas vaginais foram ainda identificadas como: disbióticas, por redução ou excesso de *Lactobacillus* spp.; ou eubióticas, quando os *Lactobacillus* spp. estavam em quantidades adequadas. As duas *Community State Types* (CST) encontradas foram CST I e CST IV-B, entretanto, como houve a identificação da presença de *Lactobacillus* spp. em concomitância com os anaeróbios, esta última foi subdividida em quatro subgrupos CST IV-B, sendo eles: 1-clássica (ausência de *Lactobacillus* spp.), 2-com *L. crispatus*, 3-com *L. iners* e 4-com *L.jensenii*. Os micro-organismos mais prevalentes foram *Gardenerella vaginalis* e *Atopobium vaginae.* Aobservação da presença de *Lactobacillus* spp. nas amostras com bactérias anaeróbias, corrobora com a hipótese de que a vaginose bacteriana é uma infecção polimicrobiana, e que os *Lactobacillus* embora desempenhem importante papel para prevenção de infecções vaginais e contribuam para a saúde vaginal, na presença destas bactérias podem perder essa capacidade protetiva e permitir que a infecção ocorra. Este trabalho demonstrou a importância da utilização de técnicas moleculares no auxílio do diagnóstico correto das infecções vaginais, e, ao demonstrar que a vaginose bacteriana ocorreu mesmo na presença de *Lactobacillus* spp., uma das principais espécies que compõe a microbiota vaginal, demonstrou a importância da utilização de técnicas moleculares no auxílio do diagnóstico correto das infecções vaginais.

**Palavras-chaves:** vaginose bacteriana, vaginite citolítica, *Lactobacillus* spp., *Comunity State Types,* Microbiota Vaginal