Zmienność mikrobiomu kobiet w ciąży
i jej wpływ na częstość porodów przedwczesnych

Wstęp**:**

Wcześniactwo pozostaje istotnym problemem zdrowia publicznego pomimo postępów w opiece medycznej, a zwiększona zachorowalność i śmiertelność stanowią znaczne obciążenie dla rodzin i społeczeństwa. Niniejsza rozprawa doktorska bada rolę mikrobiomu jelitowego w rozwoju porodu przedwczesnego w celu zidentyfikowania potencjalnych celów dla nowych interwencji terapeutycznych.

Metodologia**:**

Próbki kału pobrano od kobiet ciężarnych, które rodziły przedwcześnie oraz tych, które rodziły w terminie, i przeanalizowano pod kątem mikroorganizmów za pomocą technik PCR i sekwencjonowania DNA. Surowe odczyty sekwencjonowania zostały przetworzone i przeanalizowane przy użyciu narzędzi bioinformatycznych w celu zidentyfikowania gatunków bakterii obecnych w próbce.

Wyniki**:**

Zaobserwowano różnice w różnorodności mikrobioty jelitowej między grupami rodzących przedwcześnie i o czasie. Mimo, że próba była niewielka, to wyniki badań sugerują, że różnorodność mikrobioty jelitowej odgrywa ważną rolę w ryzyku wystąpienia porodu przedwczesnego. Należy jednak przeprowadzić dalsze badania na większej liczbie uczestników, aby potwierdzić te wyniki.

Oprócz tradycyjnych metod, modele uczenia maszynowego (ML) wykazały potencjał do dokładniejszego przewidywania porodu przedwczesnego. Konieczne są dalsze badania w celu określenia wykonalności wykorzystania modeli ML w praktyce klinicznej w celu poprawy wyników dla kobiet w ciąży i ich dzieci.

Wniosek**:**

Ta rozprawa podkreśla znaczenie mikrobiomu jelitowego w porodzie przedwczesnym i identyfikuje potencjalne cele interwencji terapeutycznych. Zastosowanie modeli ML mogłoby zapewnić dokładniejsze przewidywanie porodu przedwczesnego, potencjalnie poprawiając wyniki dla matek i niemowląt.