

Mikrobiota matki a niemowlęcia - identyfikacja, korelacja.

Laktoferyna i oligosacharydy w mleku kobiecym na różnych etapach laktacji

Streszczenie

Mleko kobiece stanowi optymalny sposób żywienia noworodków i niemowląt zapewniając wszystkie niezbędne składniki do wzrostu i rozwoju karmionego piersią dziecka. Oprócz składników odżywczych zawiera liczne składniki aktywne mające znaczenie zdrowotne dla dziecka, takie jak immunoglobuliny, cytokiny, laktoferynę, witaminy, hormony, oligosacharydy czy żywe mikroorganizmy.

Celem badania była charakterystyka mikrobiomu mleka kobiecego oraz jamy ustnej karmionego piersią dziecka z uwzględnieniem danych socjo-demograficznych uczestników badania. Ponadto oznaczono ilościową zawartość laktoferyny (LF) oraz jakościową i ilościową zawartość oligosacharydów mleka kobiecego (HMO). Na badanie uzyskano zgodę Komisji Bioetycznej Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu Collegium Medicum w Bydgoszczy nr KB196/2021. Badanie obejmowało dwa etapy, podczas których od tych samych par matka-dziecko pobrano próbki mleka kobiecego, wymazy z jamy ustnej dzieci oraz uzyskano dane ankietowe (N1 = 53, N2 = 32). Zebrane materiały biologiczne posiano metodą powierzchniową na zestaw podłoży mikrobiologicznych – agar z 5% krwią baranią, agar MacConkey'a, agar Sabourauda, agar de Man, Rogosa i Shreve, agar MYP. Podłoża mikrobiologiczne inkubowano w 36°C przez 48 – 72h. Wyrosłe kolonie poddano identyfikacji na spektrometrze masowym typu MALDI-TOF MS. Oznaczanie ilościowe laktoferyny wykonano metodą immunoenzymatyczną (ELISA), a badanie oligosacharydów zostało przeprowadzone wysokosprawną chromatografią ciekłą (UHPLC).

Mediana szacunkowej zawartości żywych mikroorganizmów w mleku wyniosła 7100 jtk/mL podczas pierwszego oraz 9200 jtk/mL podczas drugiego poboru próbek mleka. Dominującymi rodzajami mleka kobiecego były *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Corynebacterium*, *Rothia*, *Enterococcus*, *Acinetobacter* oraz gatunki z rodziny *Lactobacillaceae*. Z wymazów najczęściej identyfikowano rodzaje *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Gemella*, *Neisseria*, *Rothia*, *Acinetobacter* oraz gatunki z rodziny *Lactobacillaceae*. Najczęstszym gatunkiem wchodzącym w skład mikrobioty mleka był *Staphylococcus epidermidis*, identyfikowany u 88,7% uczestniczek w pierwszym punkcie czasowym oraz u 90,6% w drugim. Kolejne pod względem częstości występowania były: *Streptococcus mitis* (64,2% vs. 62,5%), *Streptococcus parasanguinis* (43,4% vs. 31,2%), *Streptococcus oralis* (41,5% vs. 21,9%) oraz *Streptococcus vestibularis* (41,5% vs. 56,2%). W materiale z wymazów jamy ustnej dzieci, pobranym w obu punktach czasowych, dominowały gatunki: *Streptococcus mitis* (81,1% vs. 81,2%), *Streptococcus oralis* (67,9% vs. 53,1%), *Streptococcus vestibularis* (49,1% vs. 56,2%), *Staphylococcus epidermidis* (47,2% vs. 56,2%) oraz *Gemella haemolysans* (45,3% vs. 28,1%). Mediana laktoferyny z I i II zbiórki wyniosła 2,535 mg/mL (zakres 1,240–14,268) oraz 2,805

mg/mL (1,376–14,454). Mediana całkowitego stężenia oligosacharydów w pierwszym i drugim poborze wynosiła odpowiednio 2,49 mg/mL (zakres 0,85–100,48) vs 2,43 mg/mL (0,77–72,78). Najwyższe stężenie LF oraz HMO uzyskano z próbek mleka z początkowych etapów laktacji, do ukończenia pierwszego miesiąca życia dziecka.

Niniejsze badanie wskazuje, że mleko kobiece stanowi dynamiczny mikrobiologicznie i biochemicznie układ, gdzie etap laktacji stanowi jeden z głównych czynników regulujących zawartość badanych składników. Transmisja mikrobioty między matką a dzieckiem opiera się na wspólnym rdzeniu gatunkowym bakterii, które mogą uczestniczyć w kształtowaniu wczesnego mikrobiomu jamy ustnej niemowlęcia.