



GUIA DE INTERPRETAÇÃO DO LAUDO

O Microbioma vaginal é um ecossistema dinâmico e complexo composto por microrganismos que habitam a vagina. Dependendo do seu equilíbrio, esses microrganismos podem proteger a saúde íntima da mulher ou causar doenças. O exame de Microbioma vaginal é um teste molecular que utiliza o sequenciamento de DNA em larga-escala para a identificação de microrganismos vaginais - bactérias e fungos - relacionados à saúde da mulher.

NO LAUDO VOCÊ VAI ENCONTRAR

BACTERIOMA

Resultados sobre as bactérias identificadas e indicadores do microbioma.

- Índice de alfa diversidade
- Relação entre gêneros
- Bactérias marcadoras de saúde
- Árvore taxonômica
- Tipo do microbioma
- Bactérias mais relevantes
- Gráfico taxonômico

MICROBIOMA

Resultados sobre os fungos identificados no microbioma.

- Gráfico taxonômico
- Árvore taxonômica
- Lista de fungos

MICRORGANISMOS PATOGENICOS E PATOBIONTES

Nesta seção são mostrados os microrganismos identificados com maior relevância clínica.

RESULTADOS RELEVANTES

Descrição mais detalhada dos principais resultados.

COMO INTERPRETAR OS RESULTADOS

INDICADOR COLORIMÉTRICO EM RELAÇÃO AO INTERVALO DE REFERÊNCIA:

- O círculo verde indica que o resultado encontra-se dentro do intervalo de referência.
- O círculo vermelho indica que o resultado encontra-se fora do intervalo de referência.
- O círculo cinza indica que não há dados suficientes para determinar o intervalo de referência.

NOME DO MICRORGANISMO

Lactobacillus iners

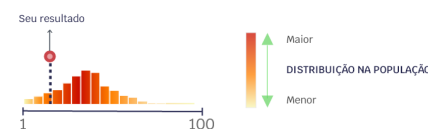
Sed ut perspiciatis unde omnis iste natus error sit voluptatem accusantium doloremque laudantium, totam rem aperiam, eaque ipsa quae ab illo inventore veritatis et quasi architecto beatae vitae dicta sunt explicabo. Nemo enim ipsam voluptatem quia voluptas sit aspernatur aut odit aut fugit, sed quia consequuntur magni dolores eos qui ratione voluptatem sequi nesciunt. Neque.

94,7%

SEU RESULTADO

DESCRIÇÃO SUCINTA SOBRE O MICRORGANISMO

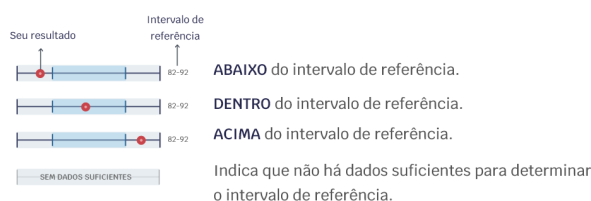
GRÁFICO QUE INDICA O RESULTADO OBTIDO EM RELAÇÃO À DISTRIBUIÇÃO NA POPULAÇÃO BRASILEIRA SAUDÁVEL



82-92



GRÁFICO QUE INDICA O RESULTADO OBTIDO EM RELAÇÃO AO INTERVALO DE REFERÊNCIA



TIPO DO MICROBIOMA

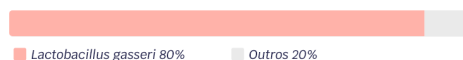
Seguem exemplos de como o microbioma vaginal pode ser classificado (estruturação da comunidade bacteriana).



Tipo I



Tipo V



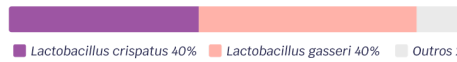
Tipo II



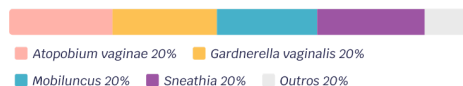
Tipo Bifidobacterium



Tipo III



Tipo I/II



Tipo IV

Exemplos hipotéticos. As bactérias presentes e abundâncias podem variar dos exemplos trazidos. Há outras bactérias que representam o tipo IV. A classificação do microbioma vaginal pode ficar entre dois ou mais tipos, ou ainda ser indefinida.



Solicitação

Ciente: xxx

Solicitante: BiomeHub - CRM/SC 1111

Protocolo: 211125292395

Teste

Nome do teste: Microbioma Vaginal

Método: Sequenciamento de DNA de alto

desempenho da região V3/V4 do gene 16S rRNA, ITS1 e primers específicos

Tipo de material coletado: Swab vaginal em solução estabilizante (ZSample)

Liberação

Coleta realizada em: 01/12/2021

Amostra recebida em: 01/12/2021 às 00:00

Resultado liberado em: 04/08/2023 às 19:22

Resultado liberado por:

Ma. Lais Eiko Yamanaka CRBio-03 nº 118262/03-D

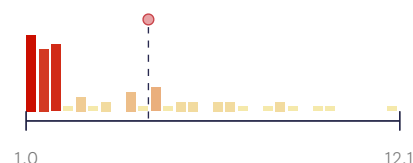
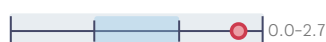
BACTERIOMA

Bactérias que compõem a microbiota vaginal

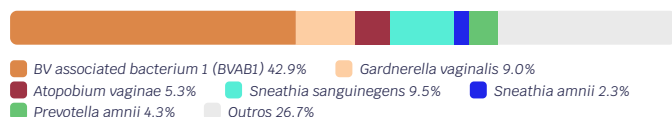
Bactérias identificadas por sequenciamento de DNA de alto desempenho (HTS, High Throughput Sequencing) - marcador universal.

Índice de alfa diversidade

4,6



Tipo do microbioma



Tipo IV

- O Tipo IV é caracterizado por baixos índices de *Lactobacillus*, alta proporção de bactérias anaeróbias e bactérias associadas à Vaginose Bacteriana, incluindo *Aerococcus*, *Atopobium*, *Atopobium vaginae*, BVAB 1, 2 e 3, *Corynebacterium*, *Dialister*, *Eggerthella*, *Enterococcus*, *Fingoldia*, *Gardnerella*, *Gardnerella vaginalis*, *Megasphaera*, *Mobiluncus*, *Parvimonas*, *Peptoniphilus*, *Prevotella*, *Sneathia*, *Staphylococcus* e *Streptococcus*.^{1,2,3}
- Está associado ao pH vaginal elevado e baixíssima produção de ácido lático.⁴
- O microbioma vaginal do tipo IV foi correlacionado com alto risco de transmissão e aquisição de Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST), e maior propensão à disbiose vaginal. Estudos consideram que o tipo IV seja indicativo de Vaginose Bacteriana diagnosticada por Sequenciamento de DNA (VB-Seq).⁵

Relação entre gêneros





Bactérias mais abundantes no seu resultado

BV associated bacterium 1 (BVAB1)

● 42,9%

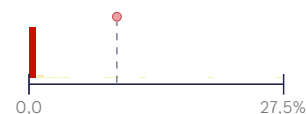
- BVAB1 é uma bactéria não cultivável associada à Vaginose Bacteriana (VB), principalmente na persistência da VB após o tratamento com metronidazol, no aumento da inflamação vaginal e nos resultados obstétricos adversos. Ainda pouco se sabe sobre o seu metabolismo e potencial patogênico no ambiente vaginal.⁶
- Estudos observam que a presença da bactéria BVAB1 está associada ao teste de cheiro positivo de aminas (odor fétido).⁷
- Um estudo observa uma associação de parto prematuro com níveis mais altos de BVAB1, *Sneathia amnii*, TM7-H1 (grupo de espécies de *Prevotella*) e baixa proporção de *Lactobacillus crispatus*.⁸



Sneathia sanguinegens

● 9,5%

- Bactéria Gram-negativa com potencial patogênico implicado em resultados reprodutivos e perinatais adversos. As espécies de *Sneathia* estão mais presentes em amostras vaginais de mulheres com sintomas de Vaginose Bacteriana do que em mulheres assintomáticas. De fato, a presença de *Sneathia* está positivamente associada aos critérios diagnósticos de Vaginose Bacteriana.⁹
- Sneathia* também pode habitar o trato urogenital masculino,^{10, 11} e o transporte desta espécie, por parceiros do sexo masculino, tem sido associada à incidência de Vaginose Bacteriana.¹² Assim, a transmissão potencial de *Sneathia* de reservatórios extravaginais, como no canal anal, ou no corpo de parceiros sexuais pode contribuir para o aumento do risco de colonização no trato genital feminino.^{13,9}
- Um estudo aponta *S. sanguinegens* como um biomarcador para biofilmes em Vaginose Bacteriana.¹⁴
- A presença de *S. sanguinegens* e *Prevotella amnii*, em alta proporção, foi associada ao maior risco de aquisição de *Trichomonas vaginalis*.¹⁵
- Um estudo de revisão compilou pesquisas sobre o uso de antibióticos para o tratamento de infecções por *Sneathia*.⁹ Resumidamente, o metronidazol é uma terapia de primeira linha para o tratamento da Vaginose Bacteriana; este antibiótico bactericida tem como alvo principalmente bactérias anaeróbicas, incluindo *Sneathia*. Além disso, a administração oral de tinidazol sozinho ou em combinação com probióticos, bem como a administração oral de rifaximina, parecem diminuir efetivamente a abundância relativa e absoluta de *Sneathia* spp. no fluido vaginal de mulheres com Vaginose Bacteriana.⁹



*Consultar as condições dos estudos que avaliam os tratamentos medicamentosos.

Gardnerella vaginalis

● 9,0%

- G. vaginalis* (filó Actinobacteria) é uma bactéria **patobionte**, frequentemente associada à Vaginose Bacteriana (VB). No entanto, a sua presença também é comum em mulheres sem VB, bem como em mulheres sexualmente não ativas e ativas.^{16,17,18,19}
- A associação entre *G. vaginalis* e a VB ocorre quando há um aumento na abundância desta bactéria junto com outras bactérias marcadoras de VB, como *Atopobium vaginae*. Estas bactérias formam um biofilme fundamental para o desenvolvimento da doença, devido à maior tolerância aos antibióticos e resistência às defesas imunológicas do hospedeiro, tornando a doença crônica e/ou recorrente.^{20,19}
- G. vaginalis* produz aminoácidos, os quais são quebrados pelas bactérias anaeróbicas da VB em aminas voláteis, que aumentam o pH e levam ao odor desagradável particularmente após o coito.²¹



Atopobium vaginae

● 5,3%

- A. vaginae* (filó Actinobacteria) é uma bactéria **patobionte**, frequentemente associada à Vaginose Bacteriana (VB). Apenas a presença desta bactéria não é determinante para causar a VB, é necessário que ocorra um aumento na sua abundância.²²
- Foi associada a três dos quatro critérios clínicos de Amsel para o diagnóstico da VB, incluindo corrimento vaginal, pH elevado e presença de células indicadoras (clue cells).²⁰
- Algumas cepas de *A. vaginae* apresentam resistência ao metronidazol e são identificadas em mulheres com Vaginose Bacteriana recorrente, contudo, foram sensíveis à clindamicina e às cefalosporinas.²¹





Principais bactérias marcadoras de saúde vaginal

Lactobacillus crispatus

● 0,0%

- L. crispatus* (filó Firmicutes) é uma bactéria considerada protetora e biomarcadora de um trato vaginal saudável. Produz grande quantidade de ácido láctico (L-lactato e D-lactato) e peptídeos antimicrobianos denominados bacteriocinas, ambos são inibidores potentes de espécies bacterianas associadas à Vaginose Bacteriana.^{23,3,24,25}
- O predomínio desta espécie caracteriza o microbioma vaginal do Tipo I. Está associado a um microbioma vaginal mais estável e foi correlacionado com menor risco de transmissão e aquisição de Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST).^{26,4}

NÃO SE APLICA



Lactobacillus jensenii

● 0,0%

- L. jensenii* (filó Firmicutes) é uma bactéria considerada protetora, pois produz quantidades moderadas-altas de ácido láctico, que mantém o pH baixo e produz peptídeos antimicrobianos denominados bacteriocinas.²⁷
- Reduz o crescimento de *Escherichia coli*, *Neisseria gonorrhoeae* e o risco de aquisição de Infecções Sexualmente Transmissíveis.^{28,29,30,31}
- O predomínio de *L. jensenii* está associado com a microbiota vaginal do tipo V.¹

NÃO SE APLICA



Lactobacillus

● 0,0%

- O predomínio do gênero *Lactobacillus*, geralmente, está associado a uma microbiota vaginal ideal. As bactérias desse gênero consomem glicogênio e produzem ácido láctico (diminuindo o pH vaginal), peróxido de hidrogênio e compostos antimicrobianos que ajudam a prevenir infecções por patógenos.^{32,33}

SEM DADOS SUFICIENTES



Lactobacillus gasseri

● 0,0%

- L. gasseri* (filó Firmicutes) é uma bactéria considerada protetora. Conferir resistência à colonização contra patógenos, deslocando-os por adesão competitiva ou por inibição direta através da produção de compostos antimicrobianos, incluindo ácido láctico, peróxido de hidrogênio e bacteriocinas.³⁴
- Estudos observam que *L. gasseri* produz uma bacteriocina específica (gassericina E) que inibe, in vitro, o crescimento de bactérias associadas à Vaginose Bacteriana, incluindo *Prevotella bivia*, *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae*, *Mobiluncus mulieris* e as patobiontes *E. coli*, *Staphylococcus aureus* e *Streptococcus agalactiae*.³⁴
- O predomínio desta espécie está associado com a microbiota vaginal do Tipo II, que é associada a uma microbiota estável.^{34,25}

NÃO SE APLICA



Lactobacillus iners

● 0,0%

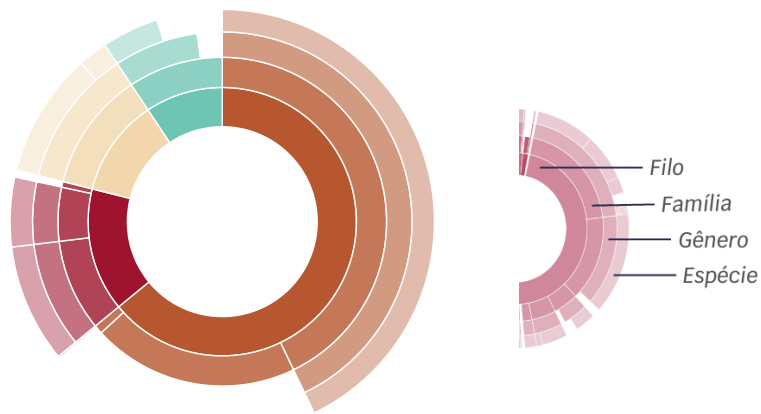
- L. iners* é uma espécie comensal que se adapta a diferentes condições do ambiente vaginal e, por isso, pode ser encontrada tanto em mulheres saudáveis, quanto naquelas com disbiose vaginal, como a Vaginose Bacteriana, ou mesmo em mulheres que recebem terapia antimicrobiana.^{35,36}
- Diferente das outras espécies de *Lactobacillus*, *L. iners* não produz o isômero D-lactato do ácido láctico e o peróxido de hidrogênio (H₂O₂), diminuindo a sua capacidade protetiva, o que possibilita a sua coexistência com patógenos, como a *Gardnerella vaginalis*, *Chlamydia trachomatis* e *Candida albicans*.^{37,38,39}
- No entanto, acredita-se que a aderência de qualquer espécie de *Lactobacillus* às células vaginais desempenha um papel na exclusão dos patógenos por meio do mecanismo físico de competição. Dessa forma, apesar de *L. iners* não produzir compostos protetivos, pode ser importante para promover a restauração de um microbioma vaginal alterado em que outras espécies de *Lactobacillus* não conseguiriam sobreviver.^{40,41}

NÃO SE APLICA

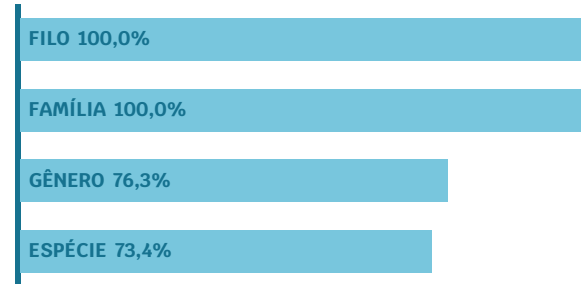




Gráfico taxonômico do resultado



Percentual de classificação taxonômica



Firmicutes

BV associated bacterium 1 (BVAB1)
Mageeibacillus indolicus (BVAB3)

Actinobacteria

Gardnerella vaginalis
Atopobium vaginae

Fusobacteria

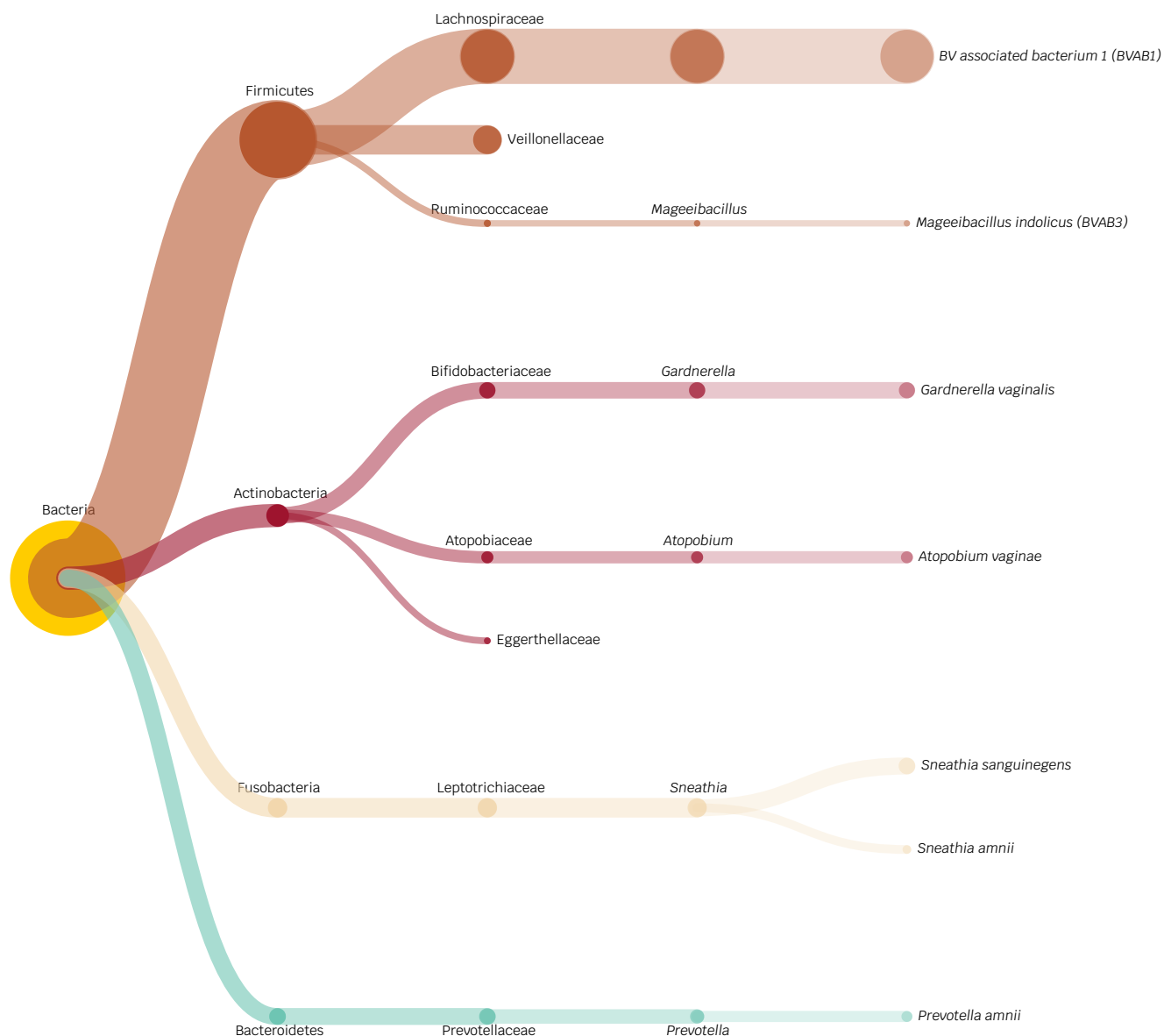
Sneathia sanguinegens
Sneathia amnii

Bacteroidetes

Prevotella amnii



Árvore Taxonômica

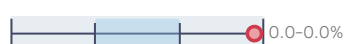


Lista de bactérias identificadas

ESPÉCIES IDENTIFICADAS

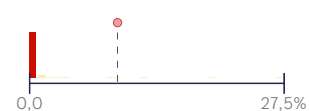
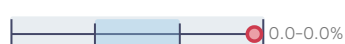
BV associated bacterium 1 (BVAB1)

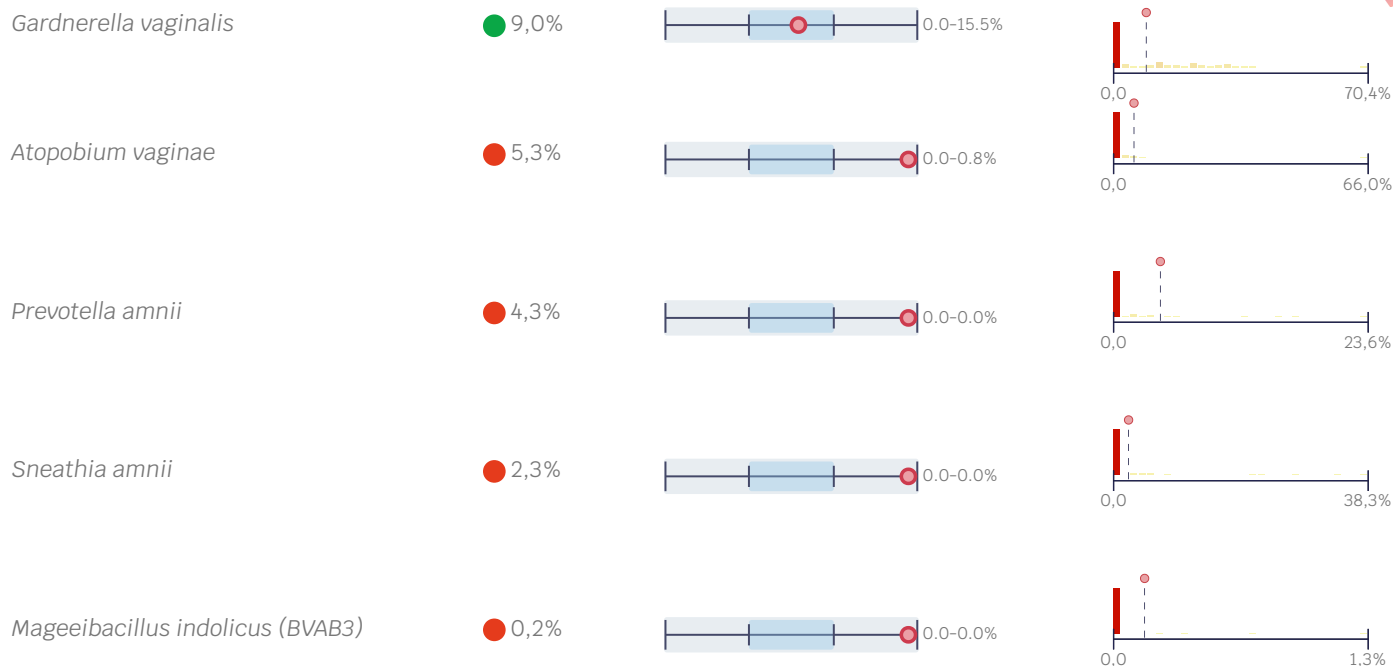
● 42,9%



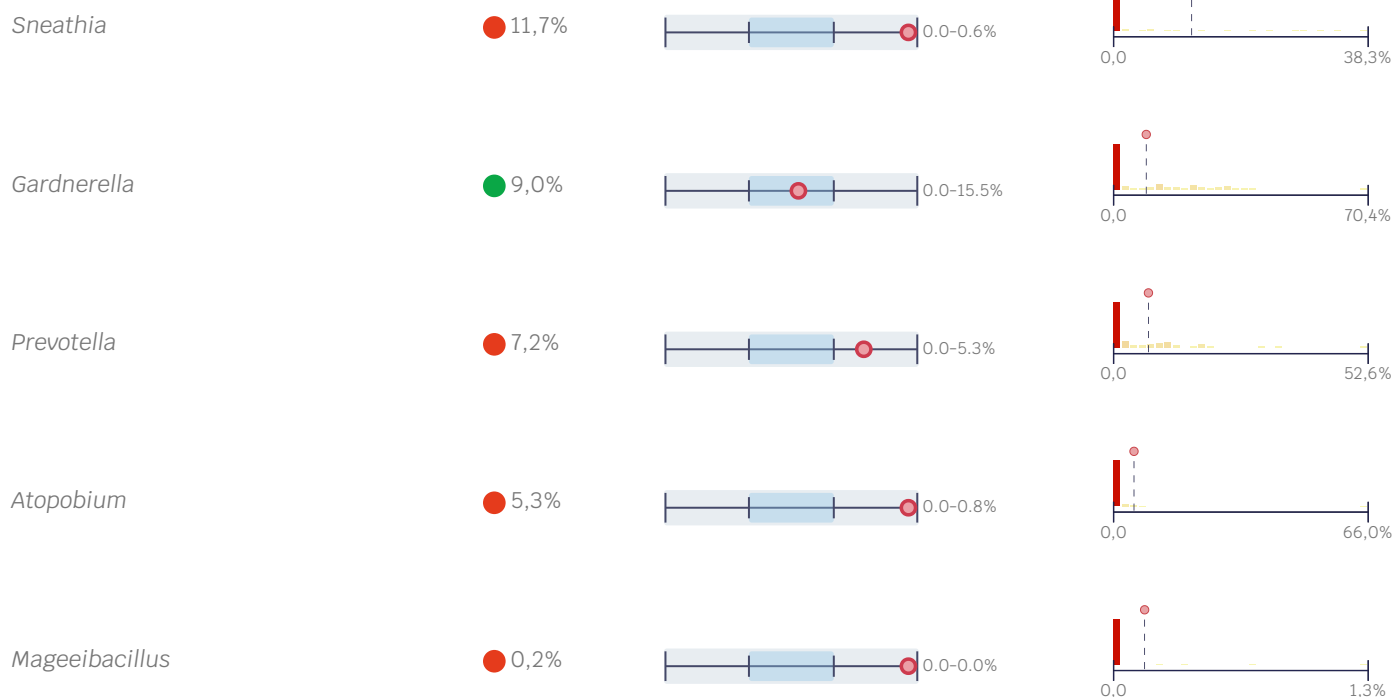
Sneathia sanguinegens

● 9,5%





GÊNEROS IDENTIFICADOS





FAMÍLIAS IDENTIFICADAS

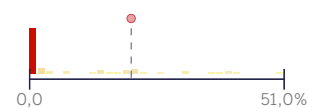
Lachnospiraceae

● 42,9%



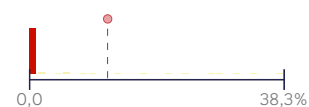
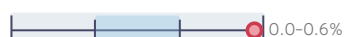
Veillonellaceae

● 20,3%



Leptotrichiaceae

● 11,7%



Prevotellaceae

● 9,3%



Bifidobacteriaceae

● 9,0%



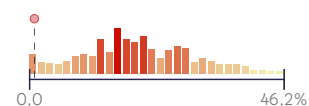
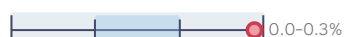
Atopobiaceae

● 5,3%



Oscillospiraceae

● 0,9%



Eggerthellaceae

● 0,6%





ORDENS IDENTIFICADAS

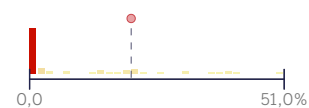
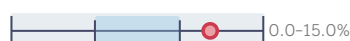
Clostridiales

● 43,7%



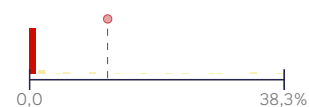
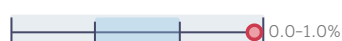
Veillonellales

● 20,3%



Fusobacteriales

● 11,7%



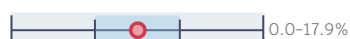
Bacteroidales

● 9,3%



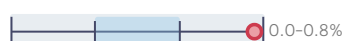
Bifidobacteriales

● 9,0%



Coriobacteriales

● 5,3%



Eggerthellales

● 0,6%

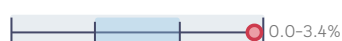




CLASSES IDENTIFICADAS

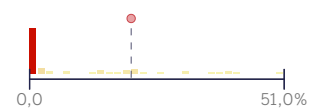
Clostridia

● 43,7%



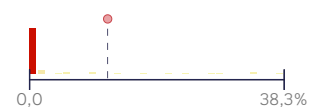
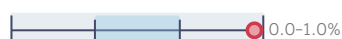
Negativicutes

● 20,3%



Fusobacteriia

● 11,7%



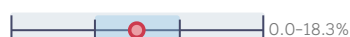
Bacteroidia

● 9,3%



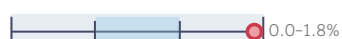
Actinomycetia

● 9,0%



Coriobacteriia

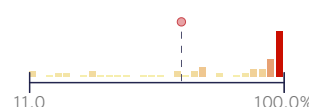
● 5,8%



FILOS IDENTIFICADOS

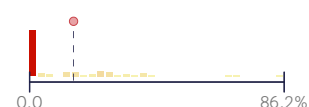
Firmicutes

● 64,1%



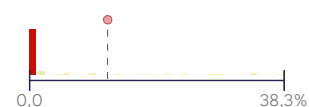
Actinobacteria

● 14,9%



Fusobacteria

● 11,7%



Bacteroidetes

● 9,3%



MICROBIOMA

Fungos que compõem a microbiota vaginal.

Fungos identificados por sequenciamento de DNA de alto desempenho (HTS, High Throughput Sequencing) - marcador universal.

NÃO FORAM IDENTIFICADOS FUNGOS COM RELEVÂNCIA CLÍNICA.



MICROORGANISMOS PATOGENICOS E PATOBIONTES

Microorganismos patogênicos e patobiontes identificados por sequenciamento de DNA de alto desempenho (HTS, High Throughput Sequencing) - marcadores específicos.

Candida albicans

- *C. albicans* (filó Ascomycota) é um fungo patógeno oportunista (**patobionte**), pode ser encontrado em mulheres sintomáticas ou assintomáticas. O seu supercrescimento pode causar infecção vaginal.⁴²
- *C. albicans* é o principal agente etiológico da Candidíase Vulvovaginal (CVV). A progressão para CVV requer um supercrescimento, expressão de fatores de virulência e alteração morfológica que é induzida pelo aumento dos níveis de estrogênio, aumento do pH vaginal e disbiose.⁴²

● Não Detectado

Chlamydia trachomatis

- *C. trachomatis* (filó Chlamydiae) é uma bactéria **patogênica**. A clamídia é considerada uma Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST). A infecção por esta bactéria em mulheres pode levar a consequências graves, incluindo Doença Inflamatória Pélvica (DIP), infertilidade por fator tubário, gravidez ectópica e dor pélvica crônica.⁴³
- A infecção por *C. trachomatis*, geralmente, é assintomática, mas em alguns casos pode causar sintomas de cervicite (por exemplo, secreção endocervical mucopurulenta, sangramento endocervical facilmente induzido), uretrite (por exemplo, pus na urina, dor/desconforto ao urinar, frequência urinária), dor durante as relações sexuais, corrimento amarelado ou claro e sangramento espontâneo ou durante as relações sexuais.^{43,44}
- Também está associada a resultados adversos da gravidez, como corioamnionite, parto prematuro e baixo peso ao nascer.⁴⁵
- Estudos observam que um microbioma vaginal dominado por *Lactobacillus iners* (microbioma vaginal Tipo III) é mais suscetível à infecção por *C. trachomatis*.^{38,46}

● Não Detectado

Gardnerella vaginalis

- *G. vaginalis* (filó Actinobacteria) é uma bactéria **patobionte**, frequentemente associada à Vaginose Bacteriana (VB). No entanto, a sua presença também é comum em mulheres sem VB, bem como em mulheres sexualmente não ativas e ativas.^{16,17,18,19}
- A associação entre *G. vaginalis* e a VB ocorre quando há um aumento na abundância desta bactéria junto com outras bactérias marcadoras de VB, como *Atopobium vaginae*. Estas bactérias formam um biofilme fundamental para o desenvolvimento da doença, devido à maior tolerância aos antibióticos e resistência às defesas imunológicas do hospedeiro, tornando a doença crônica e/ou recorrente.^{20,19}
- *G. vaginalis* produz aminoácidos, os quais são quebrados pelas bactérias anaeróbicas da VB em aminas voláteis, que aumentam o pH e levam ao odor desagradável particularmente após o coito.²¹

● Detectado

Mycoplasma genitalium

- *M. genitalium* (filó Firmicutes) é uma bactéria **patogênica** associada a uma série de doenças urogenitais em mulheres, como cervicite, uretrite sintomática, endometrite, doença inflamatória pélvica, infertilidade e a maior suscetibilidade ao Vírus da Imunodeficiência Humana (HIV).⁴⁷
- *M. genitalium* é sexualmente transmissível e é assintomática para a maioria das pessoas, mas pode causar sintomas urogenitais.^{48,49}
- Devido a falta de parede celular, *M. genitalium* não é suscetível a antibióticos que inibem a formação da parede celular, como os beta-lactâmicos.⁴⁹

● Não Detectado

Mycoplasma hominis

- *M. hominis* (filó Firmicutes) é uma bactéria **patobionte**. Estudos observam que esta espécie pode ser encontrada em baixa proporção na microbiota vaginal saudável, mas a sua proporção está significativamente aumentada em mulheres com Vaginose Bacteriana.^{47,50}
- Estudos associam *M. hominis* às características clínicas da VB, como mau odor vaginal e corrimento vaginal anormal em mulheres com VB.⁵¹ Evidências significativas de estudos clínicos e experimentais apoiam o papel do *Mycoplasma* na patogênese da desregulação imunológica associada à VB.⁵²
- *Mycoplasma* é naturalmente resistentes aos antimicrobianos que interferem na síntese da parede celular, como beta-lactâmicos (penicilinas, cefalosporinas e carbapenêmicos), além de sulfametoxazol/trimetoprima, polimixina, rifampicina, nitrofurantoina e vancomicina.^{53,54} Um estudo relata que a clindamicina representa um tratamento potencial para infecções não resolvidas após o tratamento com tetraciclina e macrolídeos.⁵⁵

● Detectado

Neisseria gonorrhoeae

- *N. gonorrhoeae* (filó Proteobacteria) é uma bactéria **patogênica** causadora da gonorreia, uma Infecção Sexualmente Transmissível.⁵⁶
- A infecção não tratada por *N. gonorrhoeae* pode levar à infecção gonocócica disseminada, doença inflamatória pélvica, infertilidade e gravidez ectópica.^{56,57,58}
- Coloniza, principalmente, a mucosa genital, porém também pode colonizar a ocular, nasofaringe e mucosa anal.^{59, 60}

● Não Detectado

Streptococcus agalactiae

- *S. agalactiae* (filó Firmicutes) é uma bactéria da microbiota comensal do trato intestinal e geniturinário humano. Mas pode ser um importante patógeno na infecção vaginal e em outras infecções humanas.^{61,62}
- Em adultos saudáveis a presença dessa bactéria pode ser assintomática. No entanto, a colonização em mulheres grávidas por *Streptococcus agalactiae* do grupo B foi associada com trabalho de parto prematuro, membranas rompidas prematuramente e infecções puerperais e fetais, como a meningite.^{61,63,64}

● Não Detectado

Treponema pallidum

- *T. pallidum* (filó Spirochaetes) é uma bactéria **patogênica** causadora da sífilis, Infecção Sexualmente Transmissível. A sífilis é uma infecção humana crônica, de múltiplos estágios, caracterizada por sintomas clínicos variáveis.^{65,66}
- A doença mostra uma evolução que alterna períodos de atividade com características clínicas, imunológicas e histopatológicas distintas (sífilis primária, secundária e terciária) e períodos de latência (sífilis latente). A doença começa como uma ferida indolor,

● Não Detectado



geralmente nos órgãos genitais, reto ou boca. A sífilis é transmitida através do contato da pele ou da membrana mucosa com essas feridas.⁶⁷

- A infecção por *T. pallidum* não tratada pode causar danos graves ao coração, cérebro ou outros órgãos e pode ser fatal. A sífilis também pode ser transmitida da mãe para o feto.⁶⁷

Ureaplasma

- O gênero *Ureaplasma* (filo Tenericutes) possui duas espécies patobiontes: *Ureaplasma urealyticum* e *Ureaplasma parvum*, que podem ser encontradas na microbiota vaginal de mulheres assintomáticas.⁶⁸
- Estudos relatam que estas espécies estão associadas a algumas doenças, incluindo uretrite não gonocócica, complicações na gravidez e infecções pré-natais.^{69,70} Apesar disso, os testes de rotina e tratamento de mulheres assintomáticas ou sintomáticas para *U. urealyticum* e *U. parvum* ainda são bastante controversos.^{71,51} Ainda assim, um estudo que avaliou a microbiota vaginal através do sequenciamento de DNA sugere que a abundância relativa pode ser considerada como um potencial critério diagnóstico para infecção por *Ureaplasma* e para decidir se a intervenção medicamentosa é necessária.⁷²
- As espécies de *Ureaplasma* não foram associadas a sinais e sintomas ginecológicos específicos e também não estão associadas a maiores chances de Vaginose Bacteriana.⁵¹
- Estudos relatam que antibióticos beta-lactâmicos não são eficazes contra essas espécies, pois não possuem parede celular de peptidoglicano.⁷³

● Não Detectado

Dados clínicos

De acordo com os dados fornecidos:

- Amostra coletada no período do ciclo menstrual: Nenhuma das opções acima, pois faz uso anticoncepcional continuamente (sem intervalo para menstruação).
- É fumante.
- Apresenta corrimento vaginal: secreção branca-acinzentada, fluida, com odor fétido, em mucosa vaginal com aspecto habitual (sem dor, inchaço, vermelhidão ou calor).

Motivo de solicitação

Vaginite de repetição.

RESULTADOS

Conclusão da análise

- Dentre os resultados obtidos, destacamos:
 - Índice de diversidade bacteriana: **acima do intervalo de referência.**
 - Microbioma vaginal do **tipo IV.**
 - Bactérias associadas à saúde vaginal: **não detectadas.**
 - Bactérias com relevância clínica: **detectadas (BV associated bacterium 1 (BVAB1), *Sneathia sanguinegens*, *Atopobium vaginae*, *Mycoplasma hominis*, *Sneathia amnii*).**
 - Fungos com relevância clínica: **não detectados.**
 - Microbiota vaginal com perfil: **suscetível.**
 - Perfil de microbiota vaginal sugestivo de: **Vaginose bacteriana.**

Considerações sobre os dados clínicos

* O perfil da microbiota vaginal não substitui o diagnóstico clínico.

* A detecção ou não detecção de microrganismos neste exame não implica no diagnóstico de doença.

* O perfil da microbiota vaginal associado às condições pode ser alterado conforme novos estudos científicos sejam realizados e publicados.

Vaginose bacteriana

- A Vaginose Bacteriana (VB) é uma condição vaginal associada à alterações no microbioma vaginal, é caracterizada pela perda ou declínio acentuado de *Lactobacillus* e um aumento na concentração de bactérias anaeróbias facultativas ou obrigatórias, como *Gardnerella*, *Prevotella*, *Atopobium*, *Mobiluncus*, *Megasphaera*, *Sneathia*, *Leptotrichia* e bactérias da ordem Clostridiales referidas como bactérias associadas à Vaginose Bacteriana (BVAB 1, 2 e 3).^{74,75,76}
- Esta condição é associada às múltiplas consequências ginecológicas e obstétricas adversas, incluindo um risco aumentado de parto prematuro, Doença Inflamatória Pélvica (DIP), endometrite, Neoplasia Intraepitelial Cervical (NIC) e aquisição de Infecções Sexualmente Transmissíveis (ISTs), incluindo HIV e Papilomavírus Humano (HPV).^{77,78}



- O diagnóstico da VB, geralmente, utiliza os critérios de Amsel ou pontuação de Nugent. No entanto, os avanços da tecnologia de sequenciamento de DNA possibilitam um novo método molecular para caracterizar a microbiota não-ideal e que se sobrepõe aos outros métodos, denominado como Seq-VB.⁷⁹
- Portanto, Seq-VB refere-se às comunidades microbianas não-ideais identificadas por sequenciamento de DNA em larga escala. Seq-VB é caracterizada por uma microbiota com baixa proporção de *Lactobacillus* spp. e com o predomínio de *G. vaginalis*, ou um aumento de bactérias anaeróbicas, como *Prevotella*, *Gardnerella*, BVAB1, *Sneathia* e *Megasphaera* spp., ou uma microbiota do Tipo IV. Pode ser clinicamente assintomático ou sintomático.⁷⁹

Biofilme --> Um aspecto da alta taxa de recorrência da VB após a terapia pode ser devido à persistência do biofilme. A formação de biofilme aumenta a resistência das bactérias relacionadas à VB contra tratamento com antibióticos ou probióticos. A espécie *G. vaginalis* é considerada a peça-chave na formação do biofilme ao aderir à superfície das células epiteliais vaginais e permitir a fixação de outras espécies, levando à formação de "clue cells," que têm sido utilizadas no diagnóstico clínico da VB. *Atopobium vaginae*, um dos segundos colonizadores de biofilmes polimicrobianos, é uma espécie estritamente anaeróbio com grande previsibilidade para desenvolver VB. Bioprodutos, como antibiofilme ou peptídeos antimicrobianos que inibem o crescimento bacteriano associado à VB e a formação de biofilme, podem auxiliar no tratamento da VB recorrente.^{80,81,82}

--> **No presente resultado, foi identificada uma alta diversidade, aumento de bactérias anaeróbicas e baixa proporção de *Lactobacillus* que caracterizam um perfil de microbiota vaginal sugestivo de Vaginose bacteriana.**

Descrição de outros microrganismos relevantes identificados

- Foi identificada a presença da espécie ***Prevotella amnii*** (4,3%):
 - *P. amnii* (filo Bacteroidetes) é uma bactéria patobionte e foi isolada pela primeira vez do líquido amniótico.⁸³ Ela pode estar presente na microbiota vaginal e endometrial de mulheres saudáveis.^{14,84} No entanto, sua presença também já foi associada à Vaginose Bacteriana^{85,86,87} e à infecção por *Trichomonas vaginalis*.¹⁵
- Foi identificada a presença de ***Sneathia amnii*** (2,3%):
 - *S. amnii* (filo Fusobacteriota) é uma bactéria com potencial patogênico devido a sua atividade pró-inflamatória e foi positivamente associada às características clínicas de corrimento vaginal, odor de amina, pH elevado e presença de células indicadoras (clue cells).^{16,88}
 - Estudos observaram que pode estar associada à Vaginose Bacteriana (VB), complicações ginecológicas, obstétricas, HPV e Neoplasia Intraepitelial Cervical.^{89,9}
 - Um estudo realizou ensaios de sensibilidade para vários antibióticos e observou que *S. amnii* apresentou resistência à nafcilina, tetraciclina e ciprofloxacina. Mas foi sensível ao metronidazol e à vancomicina. Embora seja sensível ao metronidazol, pode apresentar tolerância ao antibiótico se ocorrer dentro de biofilmes associados à Vaginose Bacteriana.⁸⁹
 - Outros estudos observaram que a administração oral de tinidazol sozinho ou em combinação com probióticos, bem como a administração oral de rifaximina, parecem diminuir efetivamente a abundância de *Sneathia* spp. no fluido vaginal de mulheres com Vaginose Bacteriana.^{9,90,91}

Referências

1. Ravel J, Gajer P, Abdo Z, et al. Vaginal microbiome of reproductive-age women. Proceedings of the National Academy of Sciences. 2010;108(Supplement_1):4680–4687. doi:10.1073/pnas.1002611107.
2. France MT, Ma B, Gajer P, et al. VALENCIA: a nearest centroid classification method for vaginal microbial communities based on composition. Microbiome. 2020;8(1). doi:10.1186/s40168-020-00934-6.
3. Gajer P, Brotman RM, Bai G, et al. Temporal Dynamics of the Human Vaginal Microbiota. Science Translational Medicine. 2012;4(132):132ra52–132ra52. doi:10.1126/scitranslmed.3003605.
4. Chee WJY, Chew SY, Than LTL. Vaginal microbiota and the potential of *Lactobacillus* derivatives in maintaining vaginal health. Microbial Cell Factories. 2020;19(1). doi:10.1186/s12934-020-01464-4.
5. McKinnon LR, Achilles SL, Bradshaw CS, et al. The Evolving Facets of Bacterial Vaginosis: Implications for HIV Transmission. AIDS Research and Human Retroviruses. 2019;35(3):219–228. doi:10.1089/aid.2018.0304.
6. Holm JB, France MT, Ma B, et al. Comparative Metagenome-Assembled Genome Analysis of "Candidatus Lachnocurva vaginae", Formerly Known as Bacterial Vaginosis-Associated Bacterium-1 (BVAB1). Frontiers in Cellular and Infection Microbiology. 2020;10. doi:10.3389/fcimb.2020.00117.
7. Haggerty CL, Totten PA, Ferris M, et al. Clinical characteristics of bacterial vaginosis among women testing positive for fastidious bacteria. Sexually Transmitted Infections. 2008;85(4):242–248. doi:10.1136/sti.2008.032821.
8. Fettweis JM, Serrano MG, Brooks JP, et al. The vaginal microbiome and preterm birth. Nature Medicine. 2019;25(6):1012–1021. doi:10.1038/s41591-019-0450-2
9. Theis KR, Florova V, Romero R, et al. Sneathia: an emerging pathogen in female reproductive disease and adverse perinatal outcomes. Critical Reviews in Microbiology. Published online April 6, 2021:1–26. doi:10.1080/1040841x.2021.1905606
10. Nelson DE, Van Der Pol B, Dong Q, et al. Characteristic Male Urine Microbiomes Associate with Asymptomatic Sexually Transmitted Infection. Valdivia RH, ed. PLoS ONE. 2010;5(11):e14116. doi:10.1371/journal.pone.0014116
11. Liu CM, Hungate BA, Tobian AAR, et al. Penile Microbiota and Female Partner Bacterial Vaginosis in Rakai, Uganda. Pettigrew MM, ed. mBio. 2015;6(3). doi:10.1128/mbio.00589-15
12. Mehta SD, Zhao D, Green SJ, et al. The Microbiome Composition of a Man's Penis Predicts Incident Bacterial Vaginosis in His Female Sex Partner With High Accuracy. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology. 2020;10. doi:10.3389/fcimb.2020.00433
13. Marrazzo JM, Fiedler TL, Srinivasan S, et al. Extravaginal Reservoirs of Vaginal Bacteria as Risk Factors for Incident Bacterial Vaginosis. The Journal of Infectious Diseases. 2012;205(10):1580–1588. doi:10.1093/infdis/jis242
14. Gottschick C, Deng ZL, Vital M, et al. Treatment of biofilms in bacterial vaginosis by an amphoteric tenside pessary-clinical study and microbiota analysis. Microbiome. 2017;5(1). doi:10.1186/s40168-017-0326-y
15. Jarrett OD, Srinivasan S, Richardson BA, et al. Specific Vaginal Bacteria Are Associated With an Increased Risk of Trichomonas vaginalis Acquisition in Women. The Journal of Infectious Diseases. 2019;220(9):1503–1510. doi:10.1093/infdis/jiz354



16. Africa C, Nel J, Stemmet M. Anaerobes and Bacterial Vaginosis in Pregnancy: Virulence Factors Contributing to Vaginal Colonisation. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 2014;11(7):6979–7000. doi:10.3390/ijerph110706979.
17. Fethers K, Twin J, Fairley CK, et al. Bacterial Vaginosis (BV) Candidate Bacteria: Associations with BV and Behavioural Practices in Sexually-Experienced and Inexperienced Women. *Ratner AJ, ed. PLoS ONE*. 2012;7(2):e30633. doi:10.1371/journal.pone.0030633.
18. Schwabke JR, Flynn MS, Rivers CA. Prevalence of *Gardnerella vaginalis* among women with lactobacillus-predominant vaginal flora. *Sexually Transmitted Infections*. 2013;90(1):61–63. doi:10.1136/sextrans-2013-051232.
19. Onderdonk AB, Delaney ML, Fichorova RN. The Human Microbiome during Bacterial Vaginosis. *Clinical Microbiology Reviews*. 2016;29(2):223–238. doi:10.1128/cmr.00075-15.
20. Srinivasan S, Hoffman NG, Morgan MT, et al. Bacterial Communities in Women with Bacterial Vaginosis: High Resolution Phylogenetic Analyses Reveal Relationships of Microbiota to Clinical Criteria. *Ratner AJ, ed. PLoS ONE*. 2012;7(6):e37818. doi:10.1371/journal.pone.0037818.
21. Carvalho NS de, Eleutério Júnior J, Travassos AG, Santana LB, Miranda AE. Protocolo Brasileiro para Infecções Sexualmente Transmissíveis 2020: infecções que causam corrimento vaginal. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*. 2021;30(spe1). doi:10.1590/s1679-4974202100007.esp1
22. Menard J, Fenollar F, Henry M, Bretelle F, Raoult D. Molecular Quantification of *Gardnerella vaginalis* and *Atopobium vaginae* Loads to Predict Bacterial Vaginosis. *Clinical Infectious Diseases*. 2008;47(1):33–43. doi:10.1086/588661.
23. Abdelmaksoud AA, Koparde VN, Sheth NU, et al. Comparison of *Lactobacillus crispatus* isolates from *Lactobacillus*-dominated vaginal microbiomes with isolates from microbiomes containing bacterial vaginosis-associated bacteria. *Microbiology*. 2016;162(3):466–475. doi:10.1099/mic.0.000238.
24. Verstraeten H, Verhelst R, Claeys G, De Backer E, Temmerman M, Vaneechoutte M. Longitudinal analysis of the vaginal microflora in pregnancy suggests that *L. crispatus* promotes the stability of the normal vaginal microflora and that *L. gasseri* and/or *L. iners* are more conducive to the occurrence of abnormal vaginal microflora. *BMC Microbiology*. 2009;9(1):116. doi:10.1186/1471-2180-9-116.
25. Witkin SS, Mendes-Soares H, Linhares IM, Jayaram A, Ledger WJ, Forney LJ. Influence of Vaginal Bacteria and d- and l-Lactic Acid Isomers on Vaginal Extracellular Matrix Metalloproteinase Inducer: Implications for Protection against Upper Genital Tract Infections. *Blaser MJ, ed. mBio*. 2013;4(4). doi:10.1128/mbio.00460-13.
26. Lewis FMT, Bernstein KT, Aral SO. Vaginal Microbiome and Its Relationship to Behavior, Sexual Health, and Sexually Transmitted Diseases. *Obstetrics & Gynecology*. 2017;129(4):643–654. doi:10.1097/aog.0000000000001932.
27. Kovachev S. Defence factors of vaginal lactobacilli. *Critical Reviews in Microbiology*. 2017;44(1):31–39. doi:10.1080/1040841x.2017.1306688.
28. Kalyoussef S, Nieves E, Dinerman E, et al. *Lactobacillus* Proteins Are Associated with the Bactericidal Activity against *E. coli* of Female Genital Tract Secretions. *Ratner AJ, ed. PLoS ONE*. 2012;7(11):e49506. doi:10.1371/journal.pone.0049506.
29. Spurbek RR, Arvidson CG. *Lactobacillus jensenii* Surface-Associated Proteins Inhibit *Neisseria gonorrhoeae* Adherence to Epithelial Cells. *Infection and Immunity*. 2010;78(7):3103–3111. doi:10.1128/iai.01200-09.
30. Yamamoto HS, Xu Q, Fichorova RN. Homeostatic properties of *Lactobacillus jensenii* engineered as a live vaginal anti-HIV microbicide. *BMC Microbiology*. 2013;13(1):4. doi:10.1186/1471-2180-13-4.
31. Hudson PL, Hung KJ, Bergerat A, Mitchell C. Effect of Vaginal *Lactobacillus* Species on *Escherichia coli* Growth. *Female Pelvic Medicine & Reconstructive Surgery*. 2020;26(2):146–151. doi:10.1097/spv.0000000000000827.
32. Jang SJ, Lee K, Kwon B, You HJ, Ko G. Vaginal lactobacilli inhibit growth and hyphae formation of *Candida albicans*. *Scientific Reports*. 2019;9(1). doi:10.1038/s41598-019-44579-4.
33. Brooks JP, Buck GA, Chen G, et al. Changes in vaginal community state types reflect major shifts in the microbiome. *Microbial Ecology in Health and Disease*. 2017;28(1):1303265. doi:10.1080/16512235.2017.1303265.
34. Maldonado-Barragán A, Caballero-Guerrero B, Martín V, Ruiz-Barba JL, Rodríguez JM. Purification and genetic characterization of gassericin E, a novel co-culture inducible bacteriocin from *Lactobacillus gasseri* EV1461 isolated from the vagina of a healthy woman. *BMC Microbiology*. 2016;16(1). doi:10.1186/s12866-016-0663-1.
35. Ferris MJ, Norori J, Zozaya-Hinchliffe M, Martin DH. Cultivation-Independent Analysis of Changes in Bacterial Vaginosis Flora Following Metronidazole Treatment. *Journal of Clinical Microbiology*. 2007;45(3):1016–1018. doi:10.1128/jcm.02085-06
36. Goodfellow L, Verwijns M, Care A, et al. Vaginal bacterial load in the second trimester is associated with early preterm birth recurrence: a nested case-control study. *BJOG: An International Journal of Obstetrics & Gynaecology*. 2021;128(13):2061–2072. doi:10.1111/1471-0528.16816
37. Basavaprabhu HN, Sonu KS, Prabha R. Mechanistic insights into the action of probiotics against bacterial vaginosis and its mediated preterm birth: An overview. *Microbial Pathogenesis*. 2020;141:104029. doi:10.1016/j.micpath.2020.104029
38. Edwards VL, Smith SB, McComb EJ, et al. The Cervicovaginal Microbiota-Host Interaction Modulates *Chlamydia trachomatis* Infection. *Clemente JC, ed. mBio*. 2019;10(4). doi:10.1128/mbio.01548-19.
39. Ceccarani C, Foschi C, Parolin C, et al. Diversity of vaginal microbiome and metabolome during genital infections. *Scientific Reports*. 2019;9(1). doi:10.1038/s41598-019-50410-x.
40. Pino A, Bartolo E, Caggia C, Cianci A, Randazzo CL. Detection of vaginal lactobacilli as probiotic candidates. *Scientific Reports*. 2019;9(1). doi:10.1038/s41598-019-40304-3
41. Mane A, Khan I, Thakar M. Characterisation of Colonisation Properties of Vaginal Lactobacilli from Healthy Indian Women: Implications for Identification of Potential Probiotic Candidates. *Indian Journal of Medical Microbiology*. 2020;38(3-4):440–443. doi:10.4103/ijmm.ijmm_20_108
42. Sobel JD. Vulvovaginal candidosis. *The Lancet*. 2007;369(9577):1961–1971. doi:10.1016/s0140-6736(07)60917-9.
43. Witkin SS, Minis E, Athanasiou A, Leizer J, Linhares IM. *Chlamydia trachomatis*: the Persistent Pathogen. *Papasian CJ, ed. Clinical and Vaccine Immunology*. 2017;24(10). doi:10.1128/cvi.00203-17.
44. <https://antigo.saude.gov.br/saude-de-a-z/clamidia>
45. Tamarelle J, Thiébaud ACM, de Barbeyrac B, Bébér C, Ravel J, Delarocque-Astagneau E. The vaginal microbiota and its association with human papillomavirus, *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae* and *Mycoplasma genitalium* infections: a systematic review and meta-analysis. *Clinical Microbiology and Infection*. 2019;25(1):35–47. doi:10.1016/j.cmi.2018.04.019.
46. Molenaar MC, Singer M, Ouburg S. The two-sided role of the vaginal microbiome in *Chlamydia trachomatis* and *Mycoplasma genitalium* pathogenesis. *Journal of Reproductive Immunology*. 2018;130:11–17. doi:10.1016/j.jri.2018.08.006.
47. Patel MA, Nyirjesy P. Role of *Mycoplasma* and *Ureaplasma* Species in Female Lower Genital Tract Infections. *Current Infectious Disease Reports*. 2010;12(6):417–422. doi:10.1007/s11908-010-0136-x.
48. De Carvalho NS, Palú G, Witkin SS. *Mycoplasma genitalium*, a stealth female reproductive tract. *European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases*. 2019;39(2):229–234. doi:10.1007/s10096-019-03707-8.
49. Pinto-Sander N, Soni S. *Mycoplasma genitalium* infection. *BMJ*. 2019;15820. doi:10.1136/bmj.15820.
50. Taylor-Robinson D. Is *Mycoplasma hominis* a vaginal pathogen? *Sexually Transmitted Infections*. 2001;77(4):302–a–302. doi:10.1136/sti.77.4.302-a.
51. Plummer EL, Vodstrcil LA, Bodiabadu K, et al. Are *Mycoplasma hominis*, *Ureaplasma urealyticum* and *Ureaplasma parvum* Associated With Specific Genital Symptoms and Clinical Signs in Nonpregnant Women? *Clinical Infectious Diseases*. 2021;73(4):659–668. doi:10.1093/cid/ciab061
52. Hasebe A, Mu H-H, Cole BC. A Potential Pathogenic Factor from *Mycoplasma hominis* is a TLR2-Dependent, Macrophage-Activating, P50-Related Adhesin. *American Journal of Reproductive Immunology*. 2014;72(3):285–295. doi:10.1111/aji.12279.
53. Pereyre S, Gonzalez P, de Barbeyrac B, et al. Mutations in 23S rRNA Account for Intrinsic Resistance to Macrolides in *Mycoplasma hominis* and *Mycoplasma fermentans* and for Acquired Resistance to Macrolides in *M. hominis*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*. 2002;46(10):3142–3150. doi:10.1128/aac.46.10.3142-3150.2002
54. OPLUSTIL, Carmen Paz; ZOCCOLI, Cassia Maria; TOBOUTI, Nina Reiko. Procedimentos básicos em microbiologia clínica. 3.ed. São Paulo: Sarvier, p.283- 290, 2010.
55. Capoccia R, Greub G, Baud D. *Ureaplasma urealyticum*, *Mycoplasma hominis* and adverse pregnancy outcomes. *Current Opinion in Infectious Diseases*. 2013;26(3):231–240. doi:10.1097/qco.0b013e32836db58
56. Quillin SJ, Seifert HS. *Neisseria gonorrhoeae* host adaptation and pathogenesis. *Nature Reviews Microbiology*. 2018;16(4):226–240. doi:10.1038/nrmicro.2017.169.
57. Little JW. Gonorrhea: Update. *Oral Surgery, Oral Medicine, Oral Pathology, and Endodontology*. 2006;101(2):137–143. doi:10.1016/j.tripleo.2005.05.077.



58. Masi AT, Eisenstein BI. Disseminated gonococcal infection (DGI) and gonococcal arthritis (GCA): II. Clinical manifestations, diagnosis, complications, treatment, and prevention. *Seminars in Arthritis and Rheumatism*. 1981;10(3):173–197. doi:10.1016/s0049-0172(81)80002-9.
59. Lee JS, Choi HY, Lee JE, Lee SH, Oum BSS. Gonococcal keratoconjunctivitis in adults. *Eye*. 2002;16(5):646–649. doi:10.1038/sj.eye.6700112.
60. Danby CS, Cosentino LA, Rabe LK, et al. Patterns of Extragenital Chlamydia and Gonorrhea in Women and Men Who Have Sex With Men Reporting a History of Receptive Anal Intercourse. *Sexually Transmitted Diseases*. 2016;43(2):105–109. doi:10.1097/olq.0000000000000384.
61. Sørensen UBS, Poulsen K, Ghezzi C, Margarit I, Kilian M. Emergence and Global Dissemination of Host-Specific *Streptococcus agalactiae* Clones. *Russell M, ed. mBio*. 2010;1(3). doi:10.1128/mbio.00178-10.
62. Kaambo E, Africa C, Chambuso R, Passmore J-AS. Vaginal Microbiomes Associated With Aerobic Vaginitis and Bacterial Vaginosis. *Frontiers in Public Health*. 2018;6. doi:10.3389/fpubh.2018.00078.
63. Brigtson AK, Dedi L, Melby KK, et al. Comparison of PCR and serotyping of Group B *Streptococcus* in pregnant women: The Oslo GBS-study. *Journal of Microbiological Methods*. 2015;108:31–35. doi:10.1016/j.mimet.2014.11.001.
64. Krauss-Silva L, Almada-Horta A, Alves MB, Camacho KG, Moreira MEL, Braga A. Basic vaginal pH, bacterial vaginosis and aerobic vaginitis: prevalence in early pregnancy and risk of spontaneous preterm delivery, a prospective study in a low socioeconomic and multiethnic South American population. *BMC Pregnancy and Childbirth*. 2014;14(1). doi:10.1186/1471-2393-14-107.
65. Radolf JD, Tramont EC, Salazar JC. Syphilis (*Treponema pallidum*). *Mandell, Douglas, and Bennett's Principles and Practice of Infectious Diseases*. 2015:2684–2709.e4. doi:10.1016/b978-1-4557-4801-3.00239-3.
66. Šmajš D, Norris SJ, Weinstock GM. Genetic diversity in *Treponema pallidum*: Implications for pathogenesis, evolution and molecular diagnostics of syphilis and yaws. *Infection, Genetics and Evolution*. 2012;12(2):191–202. doi:10.1016/j.meegid.2011.12.001.
67. Avelaira JCR, Bottino G. Sífilis: diagnóstico, tratamento e controle. *Anais Brasileiros de Dermatologia*. 2006;81(2):111–126. doi:10.1590/s0365-05962006000200002.
68. Kong F, Ma Z, James G, Gordon S, Gilbert GL. Species Identification and Subtyping of *Ureaplasma parvum* and *Ureaplasma urealyticum* Using PCR-Based Assays. *Journal of Clinical Microbiology*. 2000;38(3):1175–1179. doi:10.1128/jcm.38.3.1175-1179.2000.
69. Waites KB, Katz B, Schelonka RL. *Mycoplasmas* and *Ureaplasmas* as Neonatal Pathogens. *Clinical Microbiology Reviews*. 2005;18(4):757–789. doi:10.1128/cmr.18.4.757-789.2005.
70. Milanezi F, Falconi A, Schnabel B, et al. Prevalence of *Mycoplasma hominis* and *Ureaplasma* spp. in Routine Gynecological Care in Sao Paulo City, Brazil. *Archives of Clinical Infectious Diseases*. 2016;11(3). doi:10.5812/archcid.36668.
71. Horner P, Donders G, Cusini M, Gomberg M, Jensen JS, Unemo M. Should we be testing for urogenital *Mycoplasma hominis*, *Ureaplasma parvum* and *Ureaplasma urealyticum* in men and women? – a position statement from the European STI Guidelines Editorial Board. *Journal of the European Academy of Dermatology and Venereology*. 2018;32(11):1845–1851. doi:10.1111/jdv.15146.
72. Hong X, Zhao J, Ding X, Yin J, Ma X, Wang B. A preliminary study on the associations between *Ureaplasma*, *Mycoplasma* and the vaginal microbiome. *Medicine in Microecology*. 2021;8:100041. doi:10.1016/j.medmic.2021.100041.
73. Sprong KE, Mabenge M, Wright CA, Govender S. *Ureaplasma* species and preterm birth: current perspectives. *Critical Reviews in Microbiology*. 2020;46(2):169–181. doi:10.1080/1040841x.2020.1736986.
74. Van de Wijgert JHHM, Borgdorff H, Verhelst R, et al. The Vaginal Microbiota: What Have We Learned after a Decade of Molecular Characterization? *Fredricks DN, ed. PLoS ONE*. 2014;9(8):e105998. doi:10.1371/journal.pone.0105998.
75. Fredricks DN, Fiedler TL, Marrazzo JM. Molecular Identification of Bacteria Associated with Bacterial Vaginosis. *New England Journal of Medicine*. 2005;353(18):1899–1911. doi:10.1056/nejmoa043802.
76. Ravel J, Brotman RM, Gajer P, et al. Daily temporal dynamics of vaginal microbiota before, during and after episodes of bacterial vaginosis. *Microbiome*. 2013;1(1). doi:10.1186/2049-2618-1-29.
77. Schwebke JR. Gynecologic consequences of bacterial vaginosis. *Obstetrics and Gynecology Clinics of North America*. 2003;30(4):685–694. doi:10.1016/s0889-8545(03)00086-x.
78. Lev-Sagie A, De Seta F, Verstraeten H, Ventolini G, Lonnee-Hoffmann R, Vieira-Baptista P. The Vaginal Microbiome: II. Vaginal Dysbiotic Conditions. *Journal of Lower Genital Tract Disease*. 2022;26(1):79–84. doi:10.1097/lgt.0000000000000644.
79. McKinnon LR, Achilles SL, Bradshaw CS, et al. The Evolving Facets of Bacterial Vaginosis: Implications for HIV Transmission. *AIDS Research and Human Retroviruses*. 2019;35(3):219–228. doi:10.1089/aid.2018.0304.
80. Wu S, Hugerth LW, Schuppe-Koistinen I, Du J. The right bug in the right place: opportunities for bacterial vaginosis treatment. *npj Biofilms and Microbiomes*. 2022;8(1). doi:10.1038/s41522-022-00295-y.
81. Hardy L, Jaspers V, Abdellati S, et al. A fruitful alliance: the synergy between *Atopobium vaginae* and *Gardnerella vaginalis* in bacterial vaginosis-associated biofilm. *Sexually Transmitted Infections*. 2016;92(7):487–491. doi:10.1136/sextrans-2015-052475.
82. Castro J, Rosca AS, Cools P, Vaneechoutte M, Cerca N. *Gardnerella vaginalis* Enhances *Atopobium vaginae* Viability in an in vitro Model. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2020;10. doi:10.3389/fcimb.2020.00083.
83. Lawson PA, Moore E, Falsen E. *Prevotella amnii* sp. nov., isolated from human amniotic fluid. *INTERNATIONAL JOURNAL OF SYSTEMATIC AND EVOLUTIONARY MICROBIOLOGY*. 2008;58(1):89–92. doi:10.1099/ijs.0.65118-0.
84. Verstraeten H, Vilchez-Vargas R, Desimpel F, et al. Characterisation of the human uterine microbiome in non-pregnant women through deep sequencing of the V1–2 region of the 16S rRNA gene. *PeerJ*. 2016;4:e1602. doi:10.7717/peerj.1602.
85. Twin J, Bradshaw CS, Garland SM, Fairley CK, Fethers K, Tabrizi SN. The Potential of Metatranscriptomics for Identifying Screening Targets for Bacterial Vaginosis. *Ravel J, ed. PLoS ONE*. 2013;8(9):e76892. doi:10.1371/journal.pone.0076892.
86. Gottschick C, Deng ZL, Vital M, et al. The urinary microbiota of men and women and its changes in women during bacterial vaginosis and antibiotic treatment. *Microbiome*. 2017;5(1). doi:10.1186/s40168-017-0305-3.
87. Mehta SD, Agingu W, Nordgren RK, et al. Characteristics of Women and Their Male Sex Partners Predict Bacterial Vaginosis Among a Prospective Cohort of Kenyan Women With Nonoptimal Vaginal Microbiota. *Sexually Transmitted Diseases*. 2020;47(12):840–850. doi:10.1097/olq.0000000000001259.
88. Anahtar MN, Byrne EH, Doherty KE, et al. Cervicovaginal Bacteria Are a Major Modulator of Host Inflammatory Responses in the Female Genital Tract. *Immunity*. 2015;42(5):965–976. doi:10.1016/j.immuni.2015.04.019.
89. Harwich MD, Serrano MG, Fettweis JM, et al. Genomic sequence analysis and characterization of *Sneathia amnii* sp. nov. *BMC Genomics*. 2012;13(S8). doi:10.1186/1471-2164-13-s8-s4.
90. Macklaim JM, Clemente JC, Knight R, Gloor GB, Reid G. Changes in vaginal microbiota following antimicrobial and probiotic therapy. *Microbial Ecology in Health & Disease*. 2015;26(0). doi:10.3402/mehd.v26.27799.
91. Cruciani F, Biagi E, Severgnini M, et al. Development of a Microarray-Based Tool To Characterize Vaginal Bacterial Fluctuations and Application to a Novel Antibiotic Treatment for Bacterial Vaginosis. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*. 2015;59(5):2825–2834. doi:10.1128/aac.00225-15.

Intervalo de referência

Sobre o teste

