

Solicitação

Cliente: Paciente Exemplo
Data de Nascimento: — (39 anos)
Protocolo: 000-00000-0
Prescritor: Dr. Gustavo A. Campana – CRM/SP 112181

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: 18/08/2026
Resultado liberado em: 11/09/2026
Resultado liberado por:
Dr. Gustavo Campana – CRM-SP 112.181

Dados clínicos

De acordo com os dados fornecidos:

- Origem da amostra: Autocoleta.
- Está na fase: Em idade reprodutiva.
- Está tentando engravidar por via natural.
- Tem diagnóstico de infertilidade.
- Não apresenta corrimento vaginal.
- Sintomas: Nada a relatar.
- Tem ou já teve:
 - Papiloma Vírus Humano (HPV) (data do diagnóstico: 2017).

Motivo de solicitação

Não informado.

RESULTADOS

- Dentre os resultados obtidos, destacamos:
 - Microbioma vaginal do tipo **misto III/V**.
 - Bactérias associadas à saúde vaginal: **Lactobacillus** detectado dentro do intervalo de referência.
 - Bactérias relevantes: **Gardnerella vaginalis***, **Ureaplasma parvum*** e uma alta diversidade de bactérias patobiontes.
 - **Não foram detectados fungos.**

*As espécies *Gardnerella vaginalis* e *Ureaplasma parvum* foram detectadas dentro do intervalo de referência.

CONCLUSÃO DA ANÁLISE

- Perfil de microbiota vaginal: **algumas bactérias patobiontes foram detectadas. No entanto, não são dominantes na microbiota vaginal.**
- Tipo de microbiota vaginal: **tipo misto III/V, devido à presença de Lactobacillus iners** (o qual tem uma baixa produção de ácido lático e está associado a um microbioma vaginal mais instável e suscetível a eventos adversos, como infecções de repetição) e de *Lactobacillus jensenii* (o qual tem alta produção de ácido lático e está associado a um microbioma vaginal relativamente estável e protetivo).

Para a interpretação correta dos resultados é importante levar em consideração o quadro clínico da paciente. O perfil da microbiota vaginal não substitui o diagnóstico clínico.

Tipo III/V

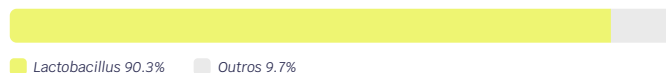
Foi identificado o microbioma vaginal do Tipo misto III/V.

- O **Tipo III** é caracterizado pelo domínio de *Lactobacillus iners*, esta espécie tem uma baixa produção de ácido láctico e está associada ao microbioma vaginal mais instável. O microbioma vaginal do tipo III foi correlacionado com médio risco de transmissão e aquisição de Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST). Este tipo de microbiota é considerado mais suscetível à disbiose vaginal.^{1,2,3}
- O **Tipo V** é caracterizado pelo domínio de *L. jensenii* que tem alta produção de ácido láctico e está associada a um microbioma vaginal relativamente estável.² O microbioma vaginal do tipo V foi correlacionado com baixo risco de transmissão e aquisição de Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST). Esse tipo é relativamente mais raro de ser encontrado comparado aos outros tipos.³

Tipo do microbioma



Relação entre marcadoras de saúde e outras bactérias

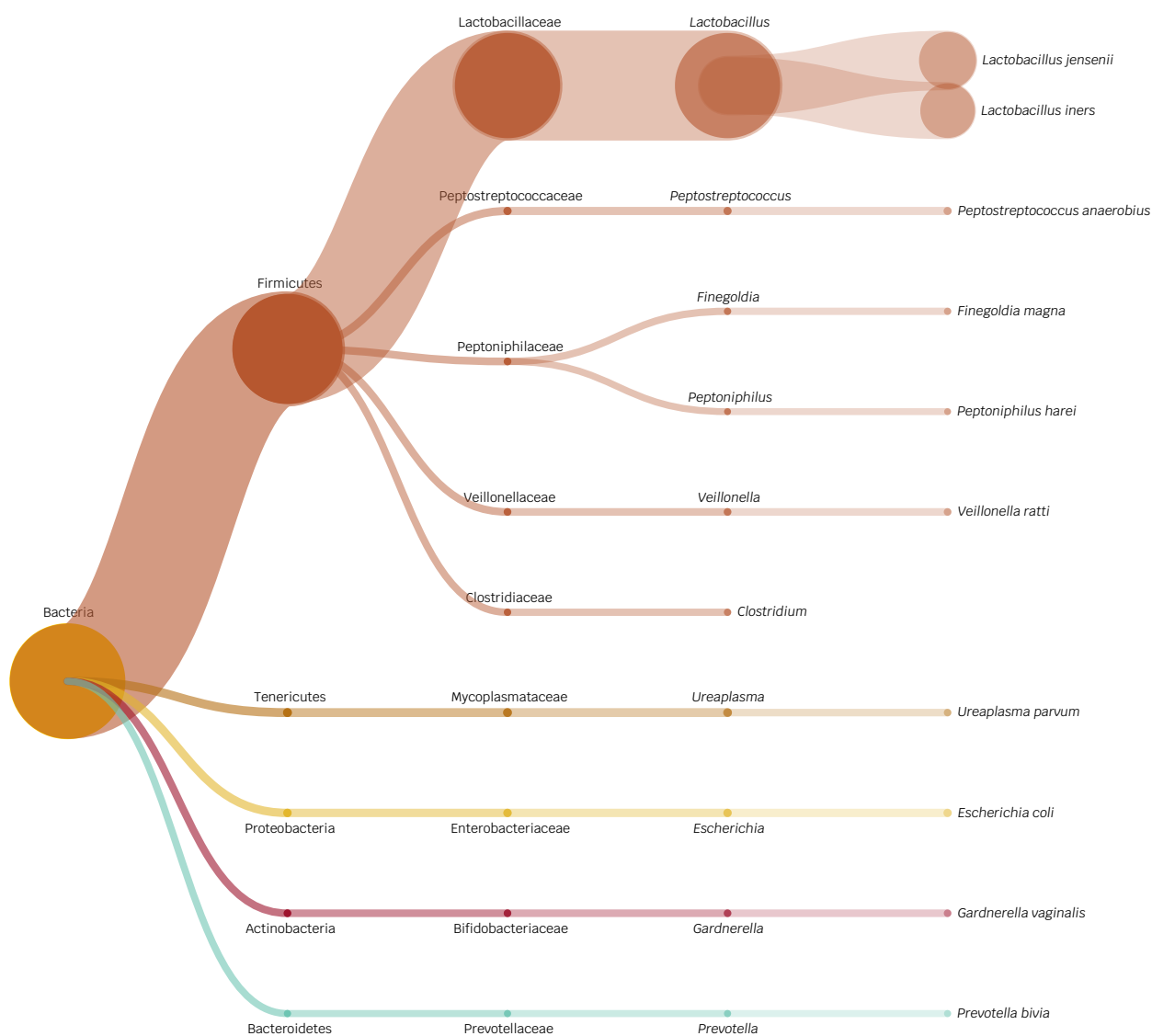


BACTERIOMA

Bactérias que compõem a microbiota vaginal

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

Árvore Taxonômica



Lista de bactérias identificadas

ESPÉCIES IDENTIFICADAS

Lactobacillus jensenii

● 46,3%

L. jensenii é uma bactéria considerada protetora, pois produz quantidades moderadas-altas de ácido lático, que mantém o pH baixo e produz peptídeos antimicrobianos denominados bacteriocinas.⁴ Reduz o crescimento de *Escherichia coli*, *Neisseria gonorrhoeae* e o risco de aquisição de Infecções Sexualmente Transmissíveis.^{5,6,7,8} O predomínio de *L. jensenii* está associado com a microbiota vaginal do tipo V.¹

NÃO SE APLICA

Lactobacillus iners

● 44,0%

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.^{9, 10}

Diferente das outras espécies de *Lactobacillus*, *L. iners* não produz o isômero D-lactato do ácido lático 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*.^{11, 2.12.13}

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.^{14,15}

NÃO SE APLICA

Escherichia coli

● 1,6%

E. coli é uma bactéria comensal, frequentemente encontrada na microbiota intestinal e casualmente pode colonizar a microbiota vaginal, geralmente sem sintomas.¹⁶ Entretanto, em alta proporção pode estar associada à Vaginite aeróbia ou ser um reservatório para as Infecções do Trato Urinário (ITU).^{17,18}



Peptostreptococcus anaerobius

● 1,4%

P. anaerobius (filo Firmicutes) é uma bactéria Gram-positiva, considerada patobionte. Pode ser encontrada na microbiota gastrointestinal e vaginal. Geralmente, está presente em infecções polimicrobianas e raramente em infecções monobacterianas.¹⁹



Veillonella ratti

● 1,0%

V. ratti foi isolada da microbiota intestinal e oral, podendo causar sintomas gastrointestinais, devido a sua capacidade de produzir propionato e H₂.^{20, 21} Contudo, não há relatos consistentes na literatura sobre o papel da espécie na microbiota vaginal.

SEM DADOS SUFICIENTES

Gardnerella vaginalis

● 1,0%

G. vaginalis é uma bactéria patobionte, frequentemente associada à Vaginose Bacteriana (VB).^{22,23,24,25} 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 a relação sexual.²⁶

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.^{27,25}



Ureaplasma parvum

● 0,9%

Espécie patobionte. Estudos relatam que as espécies do gênero *Ureaplasma* estão associadas a algumas doenças, incluindo uretrite não gonocócica, complicações na gravidez e infecções pré-natais.^{28,29} Apesar disso, os testes de rotina e tratamento de mulheres assintomáticas ou sintomáticas para *U. urealyticum* e *U. parvum* ainda são bastante controversos.^{30,31} 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.³² As espécies de *Ureaplasma* não foram associadas a sinais e sintomas ginecológicos específicos e também não estão associadas a maiores chances de Vaginose Bacteriana.³¹



Finexgoldia magna

● 0,7%

F. magna (anteriormente *Peptostreptococcus magnus*, filo Firmicutes) é uma bactéria oportunista, anaeróbia e Gram-positiva. Pode ser encontrada na pele e nas membranas mucosas da boca, do trato respiratório superior, gastrointestinais e geniturinárias. Em alta proporção, pode estar associada à Vaginose Bacteriana.^{33,34}



Prevotella bivia

● 0,5%

P. bivia é uma bactéria patobionte, associada à Vaginose Bacteriana, à Doença Inflamatória Pélvica e ao parto prematuro, mas pode ser identificada em mulheres sem VB. Coloniza o trato genital inferior e tem propensão para aderência e invasão de células epiteliais do colo do útero.^{35,36} *P. bivia* e outras espécies de *Prevotella* contêm endotoxinas e lipopolissacarídeos (LPS) que podem induzir uma rápida resposta inflamatória.³⁷



Peptoniphilus harei

● 0,4%

Bactéria anaeróbica e comensal, pode ser encontrada em baixa proporção na microbiota vaginal de mulheres saudáveis. Quando encontrada em alta proporção, pode estar associada à Vaginose Bacteriana.^{1,38}



GÊNEROS IDENTIFICADOS

Lactobacillus

● 90,3%

O predomínio do gênero *Lactobacillus*, geralmente, está associado a uma microbiota vaginal ideal. As bactérias desse gênero consomem glicogênio e produzem ácido lático (diminuindo o pH vaginal), peróxido de hidrogênio e compostos antimicrobianos que ajudam a prevenir infecções por patógenos.^{39,40}

*Ureaplasma*

● 2,1%

O gênero *Ureaplasma* possui duas espécies **patobiontes**: *Ureaplasma urealyticum* e *Ureaplasma parvum*, que podem ser encontradas na microbiota vaginal de mulheres assintomáticas.⁴¹ Estudos relatam que estas espécies estão associadas a algumas doenças, incluindo uretrite não gonocócica, complicações na gravidez e infecções pré-natais.^{28,29} Apesar disso, os testes de rotina e tratamento de mulheres assintomáticas ou sintomáticas para *U. urealyticum* e *U. parvum* ainda são bastante controversos.^{30,31} 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.³² As espécies de *Ureaplasma* não foram associadas a sinais e sintomas ginecológicos específicos e também não estão associadas a maiores chances de Vaginose Bacteriana.³¹

*Escherichia*

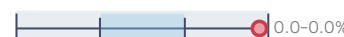
● 1,6%

As bactérias pertencentes ao gênero *Escherichia* fazem parte da microbiota intestinal humana.⁴² A espécie *Escherichia coli* é considerada uropatogênica e sua presença na microbiota vaginal está associada a Infecções do Trato Urinário,^{18,43,44} Vaginite Aeróbica⁴⁵ e a baixa abundância de bactérias do gênero *Lactobacillus*.^{43,44}

*Peptostreptococcus*

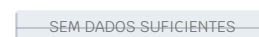
● 1,4%

O gênero *Peptostreptococcus* é composto bactérias gram-positivas anaeróbias e que podem ser encontradas nos tratos gastrointestinal, vaginal e oral. Os estudos sobre esse gênero na microbiota vaginal são preliminares, porém, um estudo sugeriu a presença do gênero como possível biomarcador para a progressão do câncer cervical.⁴⁶

*Veillonella*

● 1,0%

As bactérias pertencentes ao gênero *Veillonella* podem ser encontradas na microbiota vaginal humana.^{47,48} Essas bactérias também são conhecidas por fermentar o lactato produzindo propionato e acetato,⁴⁹ sendo que um estudo *in vitro* observou que bactérias do gênero *Veillonella* poderiam consumir o lactato do ambiente vaginal e, assim, contribuir para a elevação do pH cervicovaginal (a qual é uma alteração característica da Vaginose bacteriana).⁵⁰

*Gardnerella*

● 1,0%

Membros do gênero *Gardnerella* são bactérias gram-positivas e consideradas patobiontes, podendo ser encontradas em baixa proporção em mulheres saudáveis. A espécie *Gardnerella vaginalis* é o principal agente etiológico causador da Vaginose bacteriana.^{51, 52, 53}

*Clostridium*

● 0,7%

Espécies do gênero *Clostridium* são bactérias anaeróbias e patobiontes,^{54, 55} comuns na microbiota intestinal de humanos.⁵⁶ Algumas espécies podem produzir compostos fétidos (ácidos orgânicos, aminas e tióis) através do metabolismo da glicose, de outros carboidratos e aminoácidos.^{57,58}

*Finexgoldia*

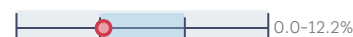
● 0,7%

Membros do gênero *Finexgoldia* são bactérias anaeróbicas frequentemente isoladas das membranas mucosas da boca, trato respiratório superior, gastrointestinais e geniturinárias. Algumas espécies são consideradas patobiontes oportunistas, como a espécie *F. magna* que pode estar associada à Vaginose bacteriana.^{33,34}

*Prevotella*

● 0,5%

Estudos relataram que as concentrações bacterianas de *Prevotella* aumentaram significativamente conforme os sintomas associados à Vaginose Bacteriana se intensificaram.^{59,60} O gênero *Prevotella* pode desempenhar um papel na formação de biofilme e apoiar a colonização de outras bactérias, incluindo microrganismos associados à Vaginose Bacteriana ou patógenos sexualmente transmissíveis, que podem levar à disbiose e subsequentemente resultados ginecológicos e reprodutivos adversos.⁶¹

*Peptoniphilus*

● 0,4%

Bactérias gram-positivas anaeróbias.⁶² Espécies do gênero *Peptoniphilus* podem ser encontradas na microbiota vaginal de humanos e são consideradas patógenos oportunistas, estando associadas à Vaginose bacteriana.^{62,62, 63}



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 PATOGÊNICOS E PATOBIONTES

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

<i>Candida albicans</i>	● Não Detectado
<i>Chlamydia trachomatis</i>	● Não Detectado
<i>Gardnerella vaginalis</i>	● Detectado
<i>Mycoplasma genitalium</i>	● Não Detectado
<i>Mycoplasma hominis</i>	● Não Detectado
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	● Não Detectado
<i>Streptococcus agalactiae</i>	● Não Detectado
<i>Treponema pallidum</i>	● Não Detectado
<i>Trichomonas vaginalis</i>	● Não Detectado
<i>Ureaplasma</i>	● Detectado

Intervalo de referência

O exame de Microbioma Vaginal utiliza os intervalos de referência obtidos a partir da análise de um banco de dados da microbiota de mulheres brasileiras e dados publicados na literatura científica.

Sobre o teste

O Microbioma Vaginal é um exame molecular para a identificação da composição da microbiota vaginal. A microbiota vaginal consiste em uma complexa comunidade de microrganismos, que atua na manutenção de funções fisiológicas e vem sendo descrita pela comunidade científica como moduladores importantes para a saúde humana. Mudanças na composição da comunidade microbiana podem ser precursores de mudanças na saúde.

Esse exame identifica as bactérias, fungos e o protozoário *Trichomonas vaginalis* que estejam presentes na microbiota da vagina por meio de seu DNA. A análise é composta de protocolos moleculares (sequenciamento de DNA de alto desempenho) e de bioinformática (versão 21 a partir de 24/08/2024) e tem como objetivo fornecer a detecção acurada da comunidade de microrganismos da vagina.

O exame Microbioma Vaginal é utilizado para apoio ao diagnóstico de diversas condições, bem como acompanhamento de diversos tratamentos medicamentosos. Esse exame não deve ser utilizado como única ferramenta para o diagnóstico das diversas condições de saúde. A detecção ou não detecção de microrganismos neste exame não implica diagnóstico de doença ou condição clínica específica. Também não deve ser utilizado como substituto de tratamentos e/ou de consultas periódicas aos profissionais de saúde. A interpretação dos resultados do exame Microbioma Vaginal considera o desenvolvimento científico atual e pode ser modificada no futuro, de acordo com a incorporação de novos conhecimentos científicos e avanços da tecnologia e ferramentas de análise.

Este teste foi desenvolvido e teve suas características de desempenho determinadas pela BiomeHub Pesquisa e Desenvolvimento (CNES 0107484) de acordo com o preconizado pela legislação vigente (RDC 978/2025).

Este laudo foi atualizado para a versão BIOfeme_v2 a partir de 20/03/2026. A nova versão foi implementada devido ampliação da população de mulheres saudáveis que compõem o banco de intervalos de referência e também ajustes na análise permitindo aumentar a especificidade na detecção de Candidas clinicamente relevantes.

Consulte sempre o seu profissional de saúde.

Direitos Autorais Reservados©

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. 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.
3. 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.
4. Kovachev S. Defence factors of vaginal lactobacilli. *Critical Reviews in Microbiology*. 2017;44(1):31–39. doi:10.1080/1040841x.2017.1306688.
5. 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.
6. 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.
7. 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.
8. 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.
9. 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.
10. Goodfellow L, Verwijs 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.
11. 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.
12. 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.
13. 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.
14. 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.
15. 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.
16. Cools P. The role of *Escherichia coli* in reproductive health: state of the art. *Research in Microbiology*. 2017;168(9-10):892–901. doi:10.1016/j.resmic.2017.02.002.
17. 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.
18. Lewis AL, Gilbert NM. Roles of the vagina and the vaginal microbiota in urinary tract infection: evidence from clinical correlations and experimental models. *GMS Infectious Diseases*; 8:Doc02. Published online 26 de março de 2020. doi:10.3205/ID000046.
19. Legaria MC, Nastro M, Camporro J, et al. *Peptostreptococcus anaerobius*: Pathogenicity, identification, and antimicrobial susceptibility. Review of monobacterial infections and addition of a case of urinary tract infection directly identified from a urine sample by MALDI-TOF MS. *Anaerobe*. 2021;72:102461. doi:10.1016/j.anaerobe.2021.102461.
20. Pham VT, Lacroix C, Braegger CP, Chassard C. Lactate-utilizing community is associated with gut microbiota dysbiosis in colicky infants. *Scientific Reports*. 2017;7(1). doi:10.1038/s41598-017-11509-1.
21. Marchandin H, Teyssier C, Jumas-Bilak E, Robert M, Artigues AC, Jean-Pierre H. Molecular identification of the first human isolate belonging to the *Veillonella ratti*-*Veillonella criceti* group based on 16S rDNA and dnaK gene sequencing. *Research in Microbiology*. 2005;156(4):603–607. doi:10.1016/j.resmic.2005.01.013.
22. 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.
23. 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.
24. Schwebke 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.
25. 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.
26. 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.
27. 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.
28. 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.
29. 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.
30. 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.
31. 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.
32. 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.
33. Brüggemann H, Jensen A, Nazipi S, et al. Pan-genome analysis of the genus *Finegoldia* identifies two distinct clades, strain-specific heterogeneity, and putative virulence factors. *Scientific Reports*. 2018;8(1). doi:10.1038/s41598-017-18661-8.



34. Neumann A, Björck L, Frick IM. *Finegoldia magna*, an Anaerobic Gram-Positive Bacterium of the Normal Human Microbiota, Induces Inflammation by Activated Neutrophils. *Frontiers in Microbiology*. 2020;11. doi:10.3389/fmicb.2020.00065
35. Aroutcheva A, Ling Z, Faro S. *Prevotella bivia* as a source of lipopolysaccharide in the vagina. *Anaerobe*. 2008;14(5):256–260. doi:10.1016/j.anaerobe.2008.08.002.
36. Sharma H, Tal R, Clark N, Segars J. Microbiota and Pelvic Inflammatory Disease. *Seminars in Reproductive Medicine*. 2014;32(01):043–049. doi:10.1055/s-0033-13618
37. Endo Y, Shibazaki M, Nakamura M, Takada H. Contrasting Effects of Lipopolysaccharides (Endotoxins) from Oral Black-Pigmented Bacteria and Enterobacteriaceae on Platelets, a Major Source of Serotonin, and on Histamine-Forming Enzyme in Mice. *The Journal of Infectious Diseases*. 1997;175(6):1404–1412. doi:10.1086/516473.
38. Ziklo N, Vidgen ME, Taing K, Huston WM, Timms P. Dysbiosis of the Vaginal Microbiota and Higher Vaginal Kynurenine/Tryptophan Ratio Reveals an Association with Chlamydia trachomatis Genital Infections. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2018;8. doi:10.3389/fcimb.2018.00001
39. 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.
40. 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.
41. 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.
42. Martinson JNV, Walk ST. *Escherichia coli* Residency in the Gut of Healthy Human Adults. *Dudley EG, ed. EcoSal Plus*. 2020;9(1). doi:10.1128/ecosalplus.esp-0003-2020
43. Pabich WL, Fihn SD, Stamm WE, Scholes D, Boyko EJ, Gupta K. Prevalence and Determinants of Vaginal Flora Alterations in Postmenopausal Women. *The Journal of Infectious Diseases*. 2003;188(7):1054–1058. doi:10.1086/378203
44. Stapleton AE. The Vaginal Microbiota and Urinary Tract Infection. *Mulvey MA, Stapleton AE, Klumpp DJ, eds. Microbiology Spectrum*. 2016;4(6). doi:10.1128/microbiolspec.uti-0025-2016
45. Donders GGG, Bellen G, Grinceviciene S, Ruban K, Vieira-Baptista P. Aerobic vaginitis: no longer a stranger. *Research in Microbiology*. 2017;168(9-10):845–858. doi:10.1016/j.resmic.2017.04.004.
46. Fong Amaris WM, Assumpção PP de, Valadares LJ, Moreira FC. Microbiota changes: the unseen players in cervical cancer progression. *Frontiers in Microbiology*. 2024;15. doi:10.3389/fmicb.2024.1352778
47. Chao X, Liu Y, Fan Q, Shi H, Wang S, Lang J. The role of the vaginal microbiome in distinguishing female chronic pelvic pain caused by endometriosis/adenomyosis. *Annals of Translational Medicine*. 2021;9(9):771–777. doi:10.21037/atm-20-4586
48. Veit-Rubin N, De Tayrac R, Cartwright R, et al. Abnormal vaginal microbiome associated with vaginal mesh complications. *Neurourology and Urodynamics*. 2019;38(8):2255–2263. doi:10.1002/nau.24129
49. Han M, Liu G, Chen Y, Wang D, Zhang Y. Comparative Genomics Uncovers the Genetic Diversity and Characters of *Veillonella atypica* and Provides Insights Into Its Potential Applications. *Frontiers in Microbiology*. 2020;11. doi:10.3389/fmicb.2020.01219.
50. Stalliss ME, Maarsingh JD, Garza C, Łaniewski P, Herbst-Kralovetz MM. Veillonellaceae family members uniquely alter the cervical metabolic microenvironment in a human three-dimensional epithelial model. *npj Biofilms and Microbiomes*. 2021;7(1). doi:10.1038/s41522-021-00229-0
51. Shvartsman E, Hill JE, Sandstrom P, MacDonald KS. Gardnerella Revisited: Species Heterogeneity, Virulence Factors, Mucosal Immune Responses, and Contributions to Bacterial Vaginosis. *Richardson AR, ed. Infection and Immunity*. 2023;91(5). doi:10.1128/iai.00390-22
52. Rosca AS, Castro J, Sousa LGV, Cerca N. Gardnerella and vaginal health: the truth is out there. *FEMS Microbiology Reviews*. 2019;44(1):73–105. doi:10.1093/femsre/fuz027
53. Castro J, Jefferson KK, Cerca N. Genetic Heterogeneity and Taxonomic Diversity among Gardnerella Species. *Trends in Microbiology*. 2020;28(3):202–21. doi:10.1016/j.tim.2019.10.002
54. Savicheva AM, Krysanova AA, Budilovskaya OV, et al. Vaginal Microbiota Molecular Profiling in Women with Bacterial Vaginosis: A Novel Diagnostic Tool. *Int J Mol Sci*. 2023;24(21):15880. doi:10.3390/ijms242115880
55. 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
56. Guo P, Zhang K, Ma X, He P. Clostridium species as probiotics: potentials and challenges. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2020;11(1). doi:10.1186/s40104-019-0402-1.
57. Zhou X, Brown CJ, Abdo Z, et al. Differences in the composition of vaginal microbial communities found in healthy Caucasian and black women. *The ISME Journal*. 2007;1(2):121–133. doi:10.1038/ismej.2007.12
58. Hummelen R, Fernandes AD, Macklaim JM, et al. Deep Sequencing of the Vaginal Microbiota of Women with HIV. *Bereswill S, ed. PLoS ONE*. 2010;5(8):e12078. doi:10.1371/journal.pone.0012078.
59. Zozaya-Hinchliffe M, Lillis R, Martin DH, Ferris MJ. Quantitative PCR Assessments of Bacterial Species in Women with and without Bacterial Vaginosis. *Journal of Clinical Microbiology*. 2010;48(5):1812–1819. doi:10.1128/jcm.00851-09.
60. Delaney M. Nugent score related to vaginal culture in pregnant women. *Obstetrics & Gynecology*. 2001;98(1):79–84. doi:10.1016/s0029-7844(01)01402-8.
61. Muzny CA, Łaniewski P, Schwebke JR, Herbst-Kralovetz MM. Host–vaginal microbiota interactions in the pathogenesis of bacterial vaginosis. *Current Opinion in Infectious Diseases*. 2020;33(1):59–65. doi:10.1097/qco.0000000000000620
62. Murphy EC, Frick IM. Gram-positive anaerobic cocci – commensals and opportunistic pathogens. *FEMS Microbiology Reviews*. 2013;37(4):520–553. doi:10.1111/1574-6976.12005
63. Diop K, Diop A, Michelle C, et al. Description of three new *Peptoniphilus* species cultured in the vaginal fluid of a woman diagnosed with bacterial vaginosis: *Peptoniphilus pacaensis* sp. nov., *Peptoniphilus raoultii* sp. nov., and *Peptoniphilus vaginalis* sp. nov. *MicrobiologyOpen*. 2018;8(3). doi:10.1002/mbo3.661

GUIA DE INTERPRETAÇÃO DO LAUDO

Como interpretar o Tipo do Microbioma

O microbioma vaginal de mulheres em idade reprodutiva é geralmente classificado em cinco tipos com base na composição das espécies. Quatro deles são caracterizados por uma abundância relativa elevada de diferentes espécies de *Lactobacillus*: *L. crispatus* (Tipo I), *L. gasseri* (Tipo II), *L. iners* (Tipo III) e *L. jensenii* (Tipo V), enquanto o quarto (Tipo IV) é caracterizado por um conjunto diversificado de bactérias anaeróbicas e baixa proporção de *Lactobacillus*. O tipo do microbioma vaginal indica a suscetibilidade ao desenvolvimento de distúrbios inflamatórios e infecciosos, como a aquisição de Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST).

Microbiota protetiva

A microbiota dominada por *Lactobacillus* e com baixa diversidade é ideal para a saúde vaginal. Os *Lactobacillus* produzem compostos antimicrobianos, como ácido lático, peróxido de hidrogênio e bacteriocinas, que contribuem para manter o pH ideal e estabelecem uma defesa contra os microrganismos patógenos.

TIPO I



TIPO II



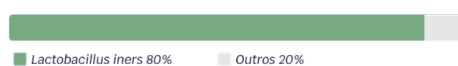
TIPO V



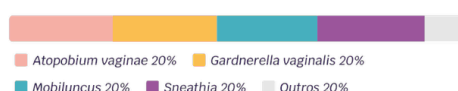
Microbiota suscetível

A microbiota vaginal com baixa proporção de *Lactobacillus* pode se tornar instável e suscetível a distúrbios inflamatórios e infecciosos. Além disso, o predomínio da espécie *Lactobacillus iners* na microbiota vaginal está associado a um perfil de microbiota instável e suscetível a eventos adversos devido a não produção do isômero D-lactato do ácido lático e o peróxido de hidrogênio, diminuindo a proteção.

TIPO III



TIPO IV

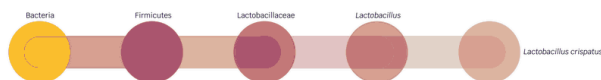


As bactérias e abundâncias dos exemplos podem variar.

O tipo do microbioma vaginal pode ainda ser classificado como Tipo Bifidobacterium ou Tipo Misto. O tipo de microbioma vaginal não é definitivo, pode apresentar alterações conforme diferentes etnias e flutuações temporais.

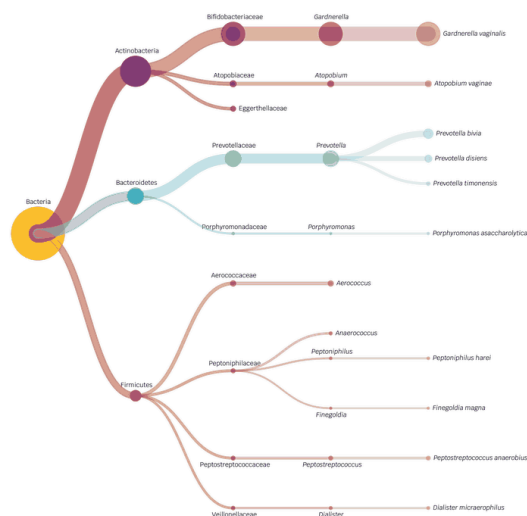
Como interpretar a Árvore taxonômica

Cada ramo representa a linha taxonômica de um microrganismo e cada nó representa um nível taxonômico (Reino - Filo - Família - Gênero - Espécie). A espessura dos ramos representa a proporção relativa entre os microrganismos e as cores agrupam os microrganismos pertencentes ao mesmo Filo.



Exemplo 1

Nessa árvore taxonômica é possível observar apenas um ramo, indicando uma microbiota protetiva, devido à baixa diversidade bacteriana e o predomínio da espécie *L. crispatus*.



Exemplo 2

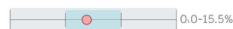
Nesse exemplo, é possível observar a presença de vários ramos, indicando uma alta diversidade bacteriana. Além disso, a espessura do ramo da espécie *Gardnerella vaginalis* indica que essa bactéria está em maior proporção quando comparada com as outras taxonomias identificadas. Este exemplo indica uma microbiota vaginal instável e suscetível aos eventos adversos, como as infecções vaginais.

Como interpretar o Intervalo de referência

Gardnerella vaginalis

5,9%

Bactéria patógena, frequentemente associada à Vaginose Bacteriana.^{6,12,13,14} Está associada à produção de aminas voláteis, que aumentam o pH e levam ao odor desagradável.¹⁵ Pode formar biofilme junto com outras bactérias, como *Atopobium vaginae*.^{16,14}



Gardnerella vaginalis

53,0%

Bactéria patógena, frequentemente associada à Vaginose Bacteriana.^{6,12,13,14} Está associada à produção de aminas voláteis, que aumentam o pH e levam ao odor desagradável.¹⁵ Pode formar biofilme junto com outras bactérias, como *Atopobium vaginae*.^{16,14}

