

SESSÃO INTERATIVA:

MICROBIOLOGIA

Discussão em casos clínicos no laboratório de microbiologia

Alessandro C. O. Silveira



CASO 1

Mulher de 68 anos com história de *Diabetes mellitus* e incontinência urinária. A paciente procurou atendimento médico relatando dor no baixo ventre, disúria e polaciúria, durante dois dias. Nega febre, náusea, vômito e dor lombar. Interrogada, relata dois episódios anteriores de infecção urinária no último ano. Recorda que recebeu antibióticos, mas não se lembra exatamente quais. Com o tratamento dietético e hipoglicemiantes orais, a glicemia e os níveis de hemoglobina glicosilada permaneceram dentro dos valores recomendados durante os últimos 6 meses. Foi solicitada a cultura de urina.

Como devemos coletar a amostra de urina dessa paciente?

- 1. Urina de primeiro jato
- 2. Aspiração suprapúbica
- 3. Cultura de jato médio
- 4. Sondagem vesical

A paciente possui alguns fatores predisponentes para o desenvolvimento de infecção do trato urinário, como *Diabetes mellitus* e deficiência hormonal típica da menopausa. Como ela é condicionada por esses fatores?

- 1. Diabetes bem controlado e deficiência hormonal da menopausa aumentam o risco de desenvolvimento de infecção recorrente do trato urinário
- 2. Diabetes bem controlado e deficiência hormonal da menopausa aumentam o risco de desenvolver uma infecção urinária por germes multirresistentes
- 3. Diabetes bem controlado e deficiência hormonal na menopausa aumentam o risco de infecção do trato urinário com um curso mais torpedo ou mais grave
- 4. Diabetes é uma doença endócrina e não tem nenhuma relação com as infecções do trato urinário

A paciente coletou a amostra de urina por meio de um jato médio e envia para o laboratório. A amostra foi recebida às 20 horas e como não havia pessoal para semear, foi mantida na geladeira até o dia seguinte. Foi semeada com alça de 10 μL, com crescimento de: 10⁴ UFC/mL de *Escherichia coli* e 10⁵ UFC/mL de *Staphylococcus* spp. coagulase negativa (novobiocina sensível). Com base nesse cenário, qual deve ser o comportamento a seguir?

- 1. A presença de *Staphylococcus* spp. não deve ser levada em conta e o antibiograma só deve ser realizado para *E. coli*
- 2. Os microrganismos devem ser considerados como possíveis causas de ITU e, portanto, realizar antibiograma para ambos
- 3. A presença de *E. coli* não deve ser considerada, uma vez que o crescimento foi inferior a 10⁵ UFC/mL
- 4. O achado deve ser descrito e relatado como uma possível amostra contaminada no momento da coleta

O paciente não pode coletar uma nova amostra, uma vez que ela já havia iniciado o tratamento empírico com sulfametoxazol/ trimetoprim a cada 12 horas. Termina o tratamento após 3 dias. Ele apresenta melhora da disúria, mas ainda mantém dor no baixo ventre e febre de 38 °C. O médico decide repetir a cultura de urina.

Amostra: urina				
Desenvolvimento de mais de 100.000 UFC/mL de Escherichia coli				
Metodologia: Disco difusão				
Acido nalidixico	Resistente			
Ampicilina	Resistente			
Cefalotina	Sensível			
Ciprofloxacina	Sensível			
Levofloxacina	Sensível			
Nitrofurantoína	Sensível			
Sulfametoxazol/trimtoprim	Resistente			

O sulfametoxazol é geralmente usado em combinação com trimetoprim, uma diaminopirimidina, também conhecida como cotrimoxazol. As sulfonamidas têm efeito bacteriostático, mas os dois compostos, quando associados, possuem atividade sinérgica, pois agem inibindo o metabolismo.

Qual metabólito é inibido?

- 1. Peptideoglicano
- 2. DNA
- 3. RNA
- 4. Ácido fólico

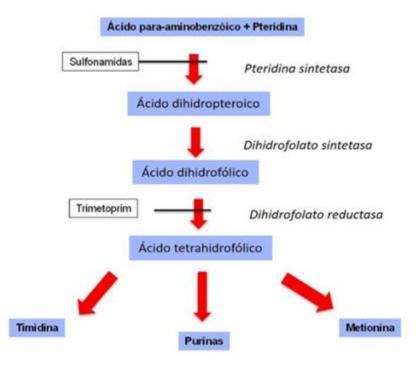


Figura 1. Vía metabólica de la síntesis del ácido fólico y sitios de acción de las sulfonamidas y la trimetoprima

Das alternativas, qual mecanismo NÃO está relacionado à resistência ao sulfametoxazol:

- 1. Alteração do sítio alvo(enzimas dihydropteroate sintetase e dihydrofolate synthetase)
- 2. Superprodução de ácido para-aminobenzóico (PABA)
- 3. Degradação enzimática
- 4. Produção de ácido fólico através de uma via metabólica alternativa ao ácido para-aminobenzóico (PABA)

A diferença no perfil de sensibilidade entre o ácido nalidíxico (quinolona) e a ciprofloxacina (fluoroquinolona) pode ser justificada porque:

- 1. Uma mutação pontual na gyrAA
- 2. produção da enzima acetiladora AAC (6 ') lb-cr
- 3. Duas mutações em gyrA, uma em parC
- 4. Bomba de efluxo

O médico optou por iniciar o tratamento com ciprofloxacina (500 mg a cada 12h durante 5 dias). A paciente apresentou melhora clínica. Um mês depois, a paciente realizou uma nova cultura de urina antes de realizar o procedimento cirúrgico para corrigir a incontinência urinária. A cultura de urina demonstrou um crescimento de *E. coli* com contagem superior a 10⁵ CFU / ml, com o seguinte antibiograma:

Amostra: urina			
Desenvolvimento de mais de 100.000 UFC/mL de Escherichia coli			
Metodologia: Disco difusão			
Acido nalidixico	Resistente		
Ampicilina	Resistente		
Cefalotina	Sensível		
Cefuroxime	Sensível		
Ceftriaxona	Sensível		
Ciprofloxacina	Resistente		
Levofloxacina	Sensível		
Nitrofurantoína	Sensível		
Sulfametoxazol/trimetoprim	Resistente		

A paciente recebeu fosfomicina trometamol, dose única. A coleta de cultura de urina uma semana após o término do tratamento não detectou o crescimento de microrganismos, e o paciente foi submetida à cirurgia para correção da incontinência, realizada pela via abdominal. No terceiro dia pós-operatório, o cateter vesical é retirado e o paciente recebe alta hospitalar, com bom estado geral. Ao retornar ao ambulatório, uma semana após a cirurgia, a paciente se queixa de ardor ao urinar, e o médico prescreve empiricamente a ciprofloxacin (500 mg a cada 12 horas por três dias). O médico solicitou urocultura e hemocultura.

Antibiograma 3

Amostra: sangue

Microrganismo: Escherichia coli Metodologia: Automação (VITEK2)

Amicacina: 16 µg/mL (SENSÍVEL)

Aztreonam: 16 μg/mL (RESISTENTE)

Cefoxitina: 8 µg/mL (SENSÍVEL)

Ceftazidima: > 4 μg/mL (RESISTENTE) Ceftriaxona: > 4 μg/mL (RESISTENTE)

Cefepime: 16 μg/mL(RESISTENTE)

Ciprofloxacin: 4 μg/mL (RESISTENTE)

Ertapenem: 0,5 μg/mL (SENSÍVEL)

Gentamicina: > 8 μg/mL (RESISTENTE)

Imipenem: < 1 μg/mL (SENSÍVEL)

Levofloxacin: > 8 μg/mL (RESISTENTE)

Meropenem: < 1 μg/mL (SENSÍVEL)

Sulfametoxazol/trimetoprim: > 4/76 μg/mL (RESISTENTE)

Piperacilina/ tazobactam: < 16/4 μg/mL (SENSÍVEL)

Polimixina B: 1 μg/mL (SENSÍVEL)

Antibiograma 4

Amostra: urina

Microrganismo: Escherichia coli

Contagem de colônias: > 10⁵ UFC/mL

Metodologia: Disco difusão

Ácido nalidixico: RESISTENTE

Ampicilina: RESISTENTE Cefalotina: RESISTENTE Ceftriaxona: RESISTENTE Cefepime: RESISTENTE

Ciprofloxacin: RESISTENTE

Fosfomicina: SENSÍVEL

Imipenem: SENSÍVEL

Nitrofurantoína: SENSÍVEL

Norfloxacin: RESISTENTE

Sulfametoxazol/trimetoprim: RESISTENTE

Com base nos resultados de β-lactâmicos no antibiograma 03 de *E. coli* isolada em hemocultura, podemos afirmar que:

- 1. O isolado é produtor de β-lactamase de espectro estendido (ESBL)
- 2. O isolado é um produtor de metalo-β-lactamase (MβL)
- 3. O isolado é superprodutor de cefalosporinase cromossômica induzível do tipo AmpC (desreprimida)
- 4. O isolado é produtor de KPC

No antibiograma da hemocultura, sugere-se a produção de ESBL devido a:

- Resistência às cefalosporinas de amplo espectro e sensibilidade aos carbapenêmicos
- 2. Resistência ao cefepime e sensibilidade aos carbapenêmicos
- 3. Resistência ao aztreonam e sensibilidade aos carbapenêmicos
- 4. Sensibilidade à cefamicina e à associação com inibidor da serina-β-lactamase e resistência a cefalosporinas de amplo espectro e aztreonam

Em muitas áreas, recomenda-se detectar e identificar ESBL, a fim de controlar a infecção. A estratégia recomendada para detectar ESBL em Enterobacteriaceae baseia-se na não sensibilidade a beta-lactâmicos, mantendo sua sensibilidade a cefamicinas e/ou carbapenêmicos.De acordo com as recomendações do EUCAST, as enterobactérias devem ser estratificadas como produtoras de ESBL:

- Halos de inibição dos discos cefotaxima (5 μg) ≤ 20 mm, ceftriaxona (30 μg) ≤ 22 mm e ceftazidima (10 μg) ≤ 21 mm, ou apenas de cefopodoxima (10 μg) ≤ 21 mm
- 2. CIM > 1 μg/mL de cefotaxima ou ceftriaxona e ceftazidima; ou apenas cefpodoxime, com CIM> 1 μg/mL
- 3. As duas opções anteriores estão corretas
- 4. Nenhuma das alternativas anteriores

Importância da detecção do mecanismo de resistência				
Necessário para categorização de sensibilidade antimicrobiana	Não			
Controle de infecção	Sim			
Saúde pública	Sim			

Tabela 1. Métodos de triagem para detecção de ESBL em Enterobacteriaceae (12-18).

Método	Antibiótico	Realizar teste para ESBL se
Diluição em caldo ou ágar ¹	Cefotaxima/ceftriaxona E ceftazidima	CIM >1 mg/L para qualquer um dos antimicrobianos
	Cefpodoxima	CIM >1 mg/L
Disco-difusão ¹	Cefotaxima (5 μg) ou Ceftriaxona (30 μg) E ceftazidima (10 μg)	Halo de inibição < 21 mm Halo de inibição < 23 mm Halo de inibição < 22 mm
	Cefpodoxima (10 μg)	Halo de inibição < 21 mm

¹ Em todos os métodos testar cefotaxima ou ceftriaxona E ceftazidima OU testar cefpodoxima isoladamente.

Após a estratificação para selecionar possíveis isolados de Enterobacteriaceae que produzem ESBL, como mostrado na pergunta anterior, o EUCAST recomenda testes fenotípicos adicionais para confirmar o fenótipo ESBL. Indique qual das seguintes afirmações NÃO é uma recomendação do EUCAST para confirmar isolados de Enterobacteriaceae que não pertencem ao grupo CESP:

- 1. Análises de gradiente com cefotaxima ou ceftazidima +/- ácido clavulânico
- 2. Disco combinado de cefotaxima ou ceftazidima +/- ácido clavulânico
- 3. Microdiluição em caldo para cefotaxima, ceftazidima e cefepima, na presença e ausência de ácido clavulânico
- 4. O EUCAST não recomenda mais o método de aproximação de disco (DDST), pois é impreciso e gera um grande número de falsos positivos

Método	Agente antimicrobiano (conteúdo do disco)	A confirmação de ESBL é positiva se		
Teste de gradiente para ESBL	Cefotaxima +/- ácido clavulânico	A razão de CIMs for ≥ 8 ou se houver deformação da elipse		
	Ceftazidima +/- ácido clavulânico	A razão de CIMs for ≥ 8 ou se houver deformação da elipse		
Teste de disco- difusão combinado	Cefotaxima (30 μg) +/- ácido clavulânico (10 μg)	Aumento no halo de inibição ≥ 5 mm		
(TDC)	Ceftazidima (30 μg) +/- ácido clavulânico (10 μg)	Aumento no halo de inibição ≥ 5 mm		
Microdiluição em caldo	Cefotaxima +/- ácido clavulânico (4 mg/L)	Razão entre CIMs ≥ 8		
	Ceftazidima +/- ácido clavulânico (4 mg/L)	Razão entre CIMs ≥ 8		
	Cefepima +/- ácido clavulânico (4 mg/L)	Razão entre CIMs ≥ 8		
Teste de sinergismo do duplo disco (TSDD)	Cefotaxima, ceftazidima e cefepima	Expansão do halo de inibição da cefalosporina indicadora em direção ao disco de amoxicilina-ácido davulânico		

A diferença no perfil de sensibilidade aos aminoglicosídeos (amicacina e gentamicina) se deve ao mecanismo de resistência?

- 1. Produção de metilases ribossômicas
- 2. Produção de proteínas de ligação ao ribossomo
- 3. Produção de enzimas modificadoras de aminoglicosídeos
- 4. Nenhuma das alternativas anteriores

Após o recebimento do antibiograma, a terapia foi reduzida a ertapenem (1 g/dia). Durante os dias seguintes, a paciente apresentou afebril, com boa evolução. Ela recebeu alta após 10 dias.

CASO 2

HEMOGRAMA

Coleta: 18/06/2018 - 00:48:50

Metodologia: Automação - ABBOTT

SANGUE TOTAL COM EDTA

Valor(es) Referencial(ais)

			, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	riezezeriezez (aze)
LEUCOGRAMA	%	/mm3	용	/mm3
Leucócitos:		21.30	0	3.600 - 11.000
Bastões:	24	5.112	0 - 5	0 - 550
Segmentados:	54,0	11.50	2 40 - 78	1.700 - 8.200
Linfócitos:	17,0	3.621	20 - 50	1.000 - 4.500
Monócitos:	3,0	639	2 - 10	100 - 1.000
Eosinófilos:	2,0	426	1 - 5	20 - 500
Basófilos:	0,0	0	0 - 2	0 - 200
Observação:	Presenca	de a	ranulações tóxicas	em raros neutrófilo

Leucocitose confirmada em extensão sanguínea

ERITROGRAMA	Valor(es)	Referencial(a	ais)
-------------	-----------	---------------	------

				1 -	-,	rerenerations.	
Hemácias:	2,53	milhões/mm3	3,9	-	5,3	milhões/mm3	_
Hemoglobina:	7,7	g/dL	12,0	-	16,0	g/dL	-
Hematócrito:	21,9	8	36,0	-	48,0	8	
VCM:	86,6	fL	80	-	100	fL	_
HCM:	30,2	pg	27	-	33	pg	
CHCM:	34,9	g/dL	32	-	36	g/dL	_
RDW:	15,0	&	11,0	-	14,5	8	

Observação: Anisocitose +

PLAQUETAS Valor(es) Referencial(ais):

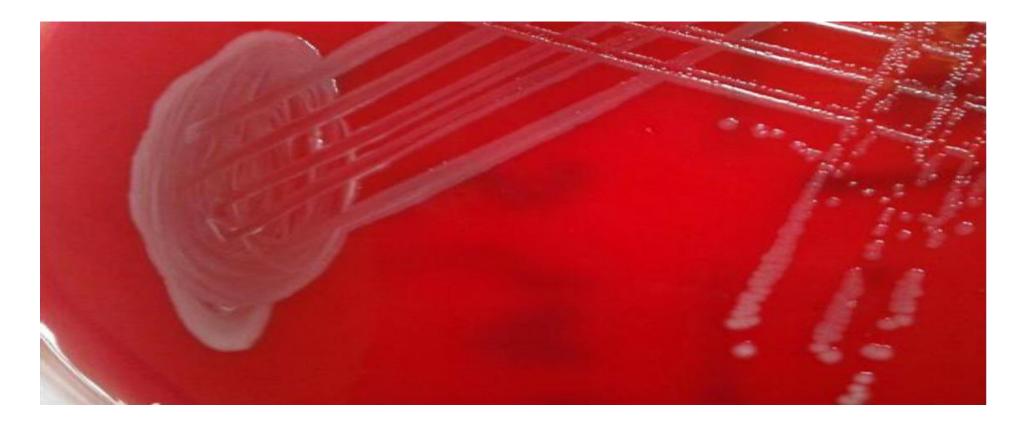
Resultado: 335.500 /mm3 140.000 - 400.000 /mm3

	Resultado atual	Re sultados anteriores			Valores referenciais ao último
Orde m de Serviço/Data/Horário	036-64816-470 18/06/2018 00:48:50	036-64815- 456 17/06/2018 00:54:26	036-64814- 721 16/06/2018 00:48:55	036-64813- 586 15/06/2018 00:38:43	resultado
He mo grama - Leucócitos	2 1.30 0	9.343	5.113	7.471	3.600 a 11.000 /mm3
He mo grama - Blastos	0	0	0	0	0
He mo grama - Bastõ es	24	30	0	0	0 a 5 %
He mo grama - Segmentados	11.502	4.485	2.761	5.856	1.700 a 8.200 /mm3
He mo grama - Linfó cito s	3.621	1.588	1.790	680	1.000 a 4.500 /mm3
He mo grama - Monócitos	639	187	511	808	100 a 1.000 /mm3
He mo grama - Eo sin ó filos	426	93	51	0	20 a 500 /mm3
He mo grama - Basó filos	0	0	0	128	0 a 200 /mm3
He mo grama - Hemácias	2,53	3,50	2,31	2,72	3,9 a 5,3 milhõ es/mm3
He mo grama - Hemoglobina	7,7	10,4	6,8	8,1	12,0 a 16,0 g/dL
He mo grama - He mató crito	21,9	30,0	20,4	23,8	36,0 a 48,0 %
He mo grama - Plaquetas	335.500	231.900	117.500	94.080	140.000 a 400.000 /mm3

Foi coletada amostra de líquido abdominal, a qual foi submetida à cultura. Qual a maneira mais indicada de processamento desta amostra?

- 1. Semeadura direta em ágar sangue e Mac Conkey
- Coloração de Gram, semeadura em caldo de enriquecimento, ágar sangue, Mac
 Conkey e chocolate
- 3. Semeadura em ágar chocolate
- 4. Coloração de Gram e semeadura em frasco de hemocultura

Foram visualizados no Gram bacilos Gram negativos curtos, que foram reportados ao médico no mesmo dia da solicitação dos exames, como resultado parcial. Após 24 horas de incubação, houve crescimento de colônias nos três meios de cultura:



Promovendo o conhecimento, desenvolvendo as Análises Clínicas

Foi realizada um teste de oxidase, o qual foi positivo. Nesse momento, qual sua principal suspeita:

- 1. Pseudomonas
- 2. Acinetobacter
- 3. Staphylococcus aureus
- 4. Klebsiella

Após realização da identificação e antibiograma no VITEK2, o microrganismo reportado foi *Comamonas testosteroni*, com 95 % de probabilidade segundo o equipamento (bionúmero 00400003005000041). O que você faria:

- Liberaria, afinal de contas o resultado foi liberado no equipamento com boa probabilidade
- 2. Liberaria como cultura negativa, pois nunca ouviu falar dessa bactéria e certamente é um contaminante
- 3. Enviaria para outro laboratório para confirmação e avaliaria o caso, fazendo uma revisão bibliográfica e discutindo com o corpo clínico do hospital
- 4. Solicitaria nova coleta do material

Submit a Manuscript: http://www.wjgnet.com/esps/ Help Desk: http://www.wjgnet.com/esps/helpdesk.aspx DOI: 10.5527/wjn.v5.i2.220 World J Nephrol 2016 March 6; 5(2): 220-223 ISSN 2220-6124 (online) © 2016 Baishideng Publishing Group Inc. All rights reserved.

CASE REPORT

Comamonas testosteroni-associated peritonitis in a pediatric peritoneal dialysis patient

Mattia Parolin, Maura Baraldi, Elena Valentini, Luisa Murer, Enrico Vidal

Core tip: Comamonas testosteroni (C. testosteroni) has been largely overlooked as a potential pathogen in humans. This case reports not only the first description of a C. testosteroni-associated peritonitis in a pediatric patient, but also emphasizes the risk of uncommon causes of bacterial peritonitis especially in peritoneal dialysis children with severe comorbidities.



Case Rep Gastroenterol 2017;11:42-47

DOI: 10.1159/000452197 Published online: January 31, 2017 © 2017 The Author(s)Published by S. Karger AG, Basel www.karger.com/crg



This article is licensed under the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License (CC BY-NC) (http://www.karger.com/Services/OpenAccessLicense). Usage and distribution for commercial purposes requires written permission.

Single Case

Comamonas testosteroni: Is It Still a Rare Human Pathogen?

Shaika Farooq Rumana Farooq Nahida Nahvi

Abstract

Comamonas testosteroni (formally Pseudomonas testosteroni) is common environmental bacterium that is not part of the human microbiome. Since its identification as a human pathogen in 1987, numerous reports have drizzled in, implicating this organism for various infections. Although these organisms are of low virulence, some of their obscurity perhaps is due to the incapability of clinical laboratories to identify them. Most of the reported cases are bloodstream infections. We report a case of gastroenteritis caused by this organism in a 65-year-old female with colostomy in situ.

© 2017 The Author(s) Published by S. Karger AG, Basel As espécies de *Comamonas* são bacilos aeróbicos, Gram-negativos, pigmentados, positivos para a oxidase, que crescem bem em meios bacteriológicos de rotina. Este grupo é composto por quatro espécies: *C. terrigena*, *C. testosteroni*, *C. denitrificans* e *C. nitrativorans*.

C. testosteroni é o patógeno mais comum do gênero. Este organismo é chamado de 'testosteroni' porque pode crescer em meios contendo testosterona como única fonte de carbono.

A identificação foi confirmada em MALDI-TOF e nesse momento está em processo de sequenciamento de genoma completo.

O antibiograma foi realizado, com o seguinte resultado:

Amicacina: > 64 µg/mL (RESISTENTE)

Cefepime: < 1 µg/mL (SENSÍVEL)

Ceftazidima: < 1 µg/mL (SENSÍVEL)

Ciprofloxacin: < 0,25 μg/mL (SENSÍVEL)

Gentamicina: 2 µg/mL (SENSÍVEL)

Imipenem: < 0,25 μg/mL (SENSÍVEL)

Meropepem: < 0,25 μg/mL (SENSÍVEL)

Com esse resultado de antibiograma, você:

- 1. Liberaria automaticamente
- 2. Reportaria informalmente o corpo clínico do hospital e aguardaria confirmação da identificação
- 3. Liberaria apenas o resultado da identificação
- 4. Solicitaria nova coleta

C. testosteroni is usually sensitive to a broad range of antibiotics, including aminoglycosides, cephalosporins, fluoroquinolones, carbapenems, piperacillin-tazobactam, cephalosporins, and trimethoprim-sulfamethoxazole^[15].

intervention and antibiotic therapy. Most of the reported *C.* testosteroni isolates are susceptible to aminoglycosides, fluoroquinolones, carbapenems, piperacillin-tazobactam, most cephalosporins, and trimethoprim-sulfamethoxazole (3, 4, 7).

CASO 3

Paciente masculino, 65 anos, IMC 23, 5 (índice normal segundo a OMS), com queixa de sangue nas fezes, procurou o laboratório com as seguintes características clínicas:

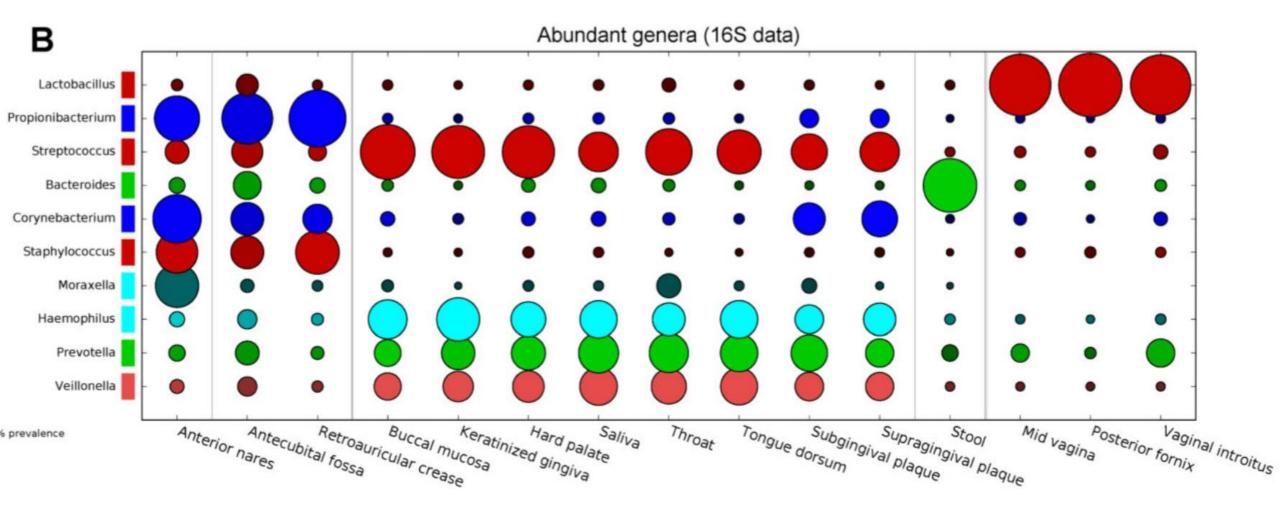
- Distensão e dor abdominal
- Flatulência
- Intolerância à lactose e ao glúten

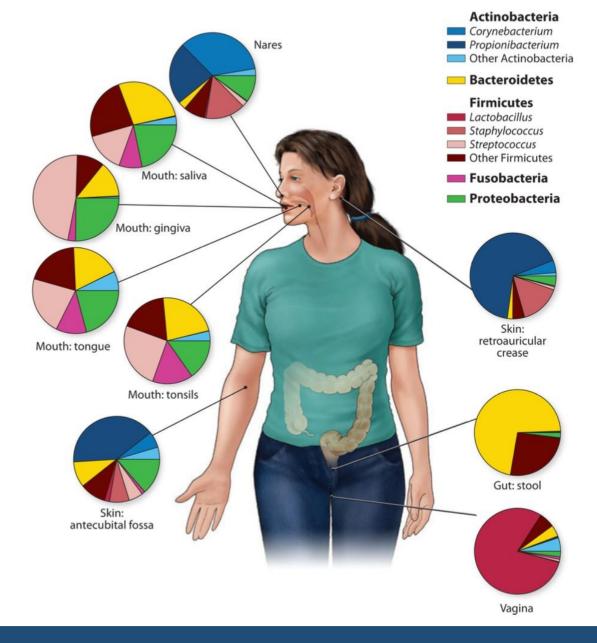
O paciente reportou que não estava em uso de antimicrobianos, não passou por mudança de estilo de vida drástica recentemente e não faz nenhum tipo de terapia envolvendo dieta específica.

Declarou diagnóstico de espondilite anquilosante, sacroileíte bilateral e síndrome do intestino irritado.

Como o laboratório de microbiologia pode auxiliar esse paciente:

- 1. Coprocultura
- 2. Hemocultura
- 3. Pesquisa de hemoglobina fecal humana
- 4. Análise do microbioma intestinal

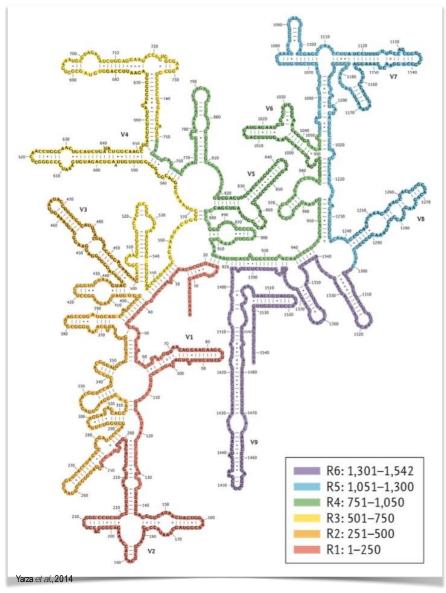


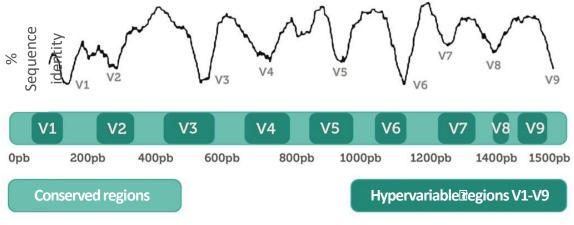


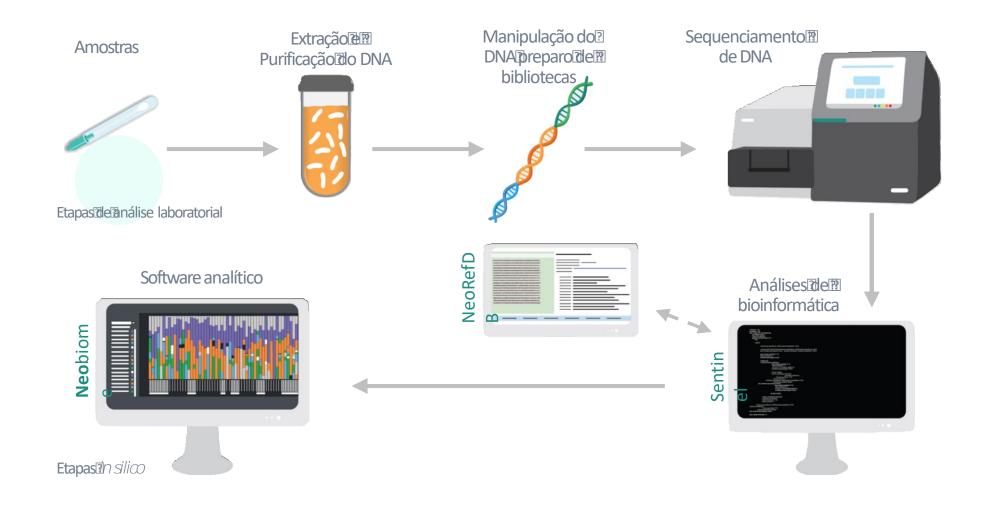
- Uso de antimicrobianos
- Infecções por Clostridium difficile
- Transplante de fezes
- Pré e probióticos
- Mudanças de estilos de vida
- Dietas
- Quimioterapia
- Avaliação de riscos
- Distúrbios agudos

Qual a metodologia mais comumente empregada em análises clínicas para avaliação do microbioma?

- 1. Cultura
- 2. Metagenômica
- 3. Sequenciamento de RNA 16S
- 4. Essa avaliação não é realizada em análises clínicas

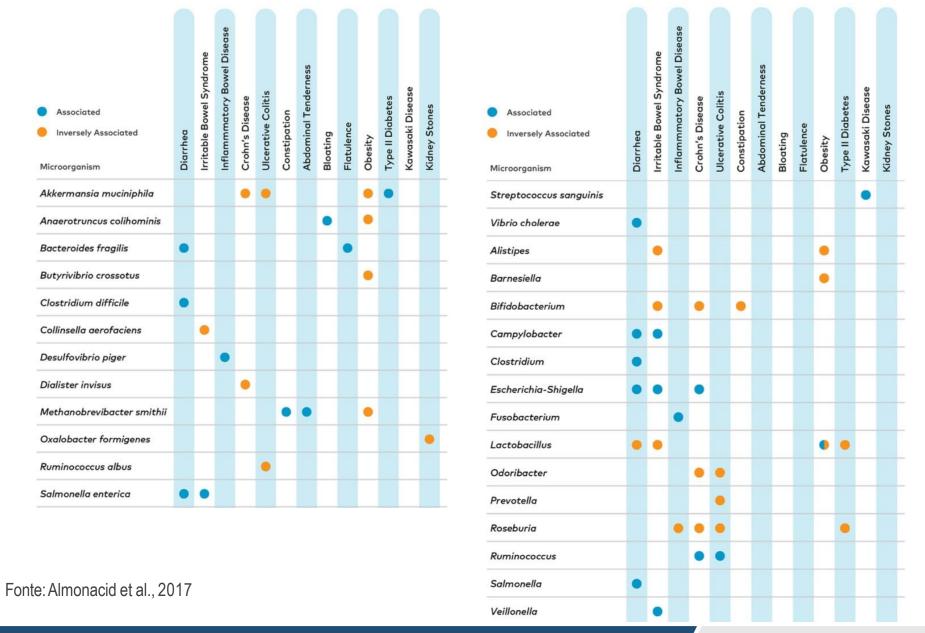


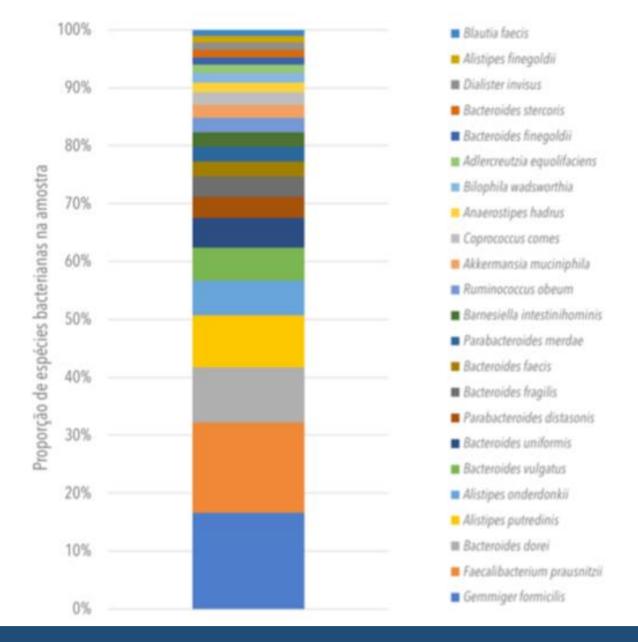




Mas como podemos padronizar um resultado de análise de microbioma intestinal, levando-se em conta todas as diversidades (étnicas, culturais, econômicas, sociais) encontradas?

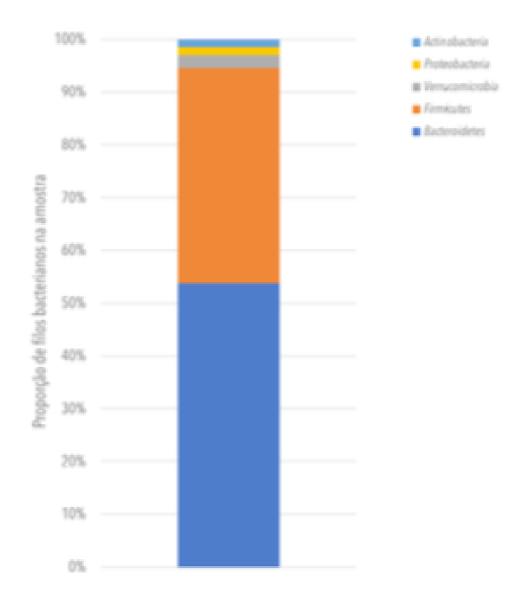
- 1. Submetendo os resultados obtidos à um banco de dados (inteligência artificial) que analisará as informações e fará o diagnóstico do paciente
- 2. Associando com a clínica do paciente e resultados obtidos podemos efetuar um diagnóstico adequado
- 3. A análise do microbioma não tem cunho diagnóstico e sim como uma ferramenta auxiliar ao clínico para acompanhamento de diversas patologias
- 4. A análise do microbioma intestinal não tem relevância clínica





Espécie bacteriana i dentificada	Proporção da espécie bacteriana na amostra (%)
Gemmiger formicilis	16,57
Faecali bacteri um pra usnitzi i	15,66
Bacteroides dorei	9,53
Alistipes putredinis	8,98
Alistipes onderdonkii	5,90
Bacteroides vulgatus	5,76
Bacteroides uniformis	5,15
Parabacteroides distasonis	3,58
Bacteroides fragilis	3,52
Bacteroides faecis	2,63
Para bactero i des merdae	2,54
Barnesiella intestini homi nis	2,50
Blautia obeum	2,47
Akkermansia mucini phi la	2,32
Coprococcus comes	2,17
Anaerostipes had rus	1,63
Bilophila wadsworthia	1,58
Adlercieutzia equolifaciens	1,48
Bacteroid es finegoldi i	1,28
Bacteroides stercoris	1,28
Dialister invisus	1,24
Alistipes finegoldii	1,12
Blautia faecis	1,11

45º Congresso Brasileiro de Análises Clínicas



Filo bacteriano identificado	Proporção do filo bacteriano na amostra (%)
Bacteroidetes	53,77
Firmicutes	40,85
Verr ucom i crobia	2,32
Proteobacteria	1,58
Actinobacteria	1,48

Referências:

- 1. World Health Organization. Obesity: preventing and managing the global epidemic. Report of a World Health Organization. Consultation. Geneva: World Health Organization, 2000. p. 256. WHO Obesity Technical Report Series, n. 284.
- Rajilic-Stojanovic M, Biagi E, Heilig HG, Kajander K, Kekkonen RA, Tims S, de Vos WM: Global and deep molecular analysis
 of microbiota signatures in fecal samples from patients with irritable bowel syndrome. Gastroenterology 141:1792-1801,
 2011.
- 3. Jeffery IB, O'Toole PW, Ohman L, Claesson MJ, Deane J, Quigley EM, Simren M. An irritable bowel syndrome subtype defined by species-specific alterations in faecal microbiota. Gut 61: 997-1006, 2012.
- Bhattarai Y, Pedrogo DAM, Kashyap MP. Irritable bowel syndrome (IBS): A gut microbiota-related disorder? Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol 312(1):G52-G62, 2017.
- Fan W, Ding C, Xu N, Zong S, Ma P, Gu B. Close association between intestinal microbiota and irritable bowel syndrome. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 7 Aug 2017 [Epub ahead of print].
- Miquel S, Martín R, Rossi O, Bermúdez-Humarán LG, Chatel JM, Sokol H, Thomas M, Wells JM, Langella P. Faecalibacterium prausnitzii and human intestinal health. Curr Opin Microbiol 16(3):255-61, 2013.
- 7. The Human Microbiome Project Consortium. Structure, Function and Diversity of the Healthy Human Microbiome. Nature 486(7402):207-14, 2012.

