



ANÁLISE DE
**MICROBIOMA
INTESTINAL**

Sequenciamento de Nova Geração - 16S



DETALHE DA ANÁLISE

A análise de Sequenciamento do Microbioma Intestinal 16S é uma poderosa ferramenta para a identificação da microbiota bacteriana presente no seu intestino. Com a tecnologia de Sequenciamento Massivo em Paralelo (NGS – Next Generation Sequence), é possível realizar a detecção de microrganismos comuns e benignos que habitam o intestino e, ao mesmo tempo, mapear bactérias patogênicas causadoras de doenças e de desequilíbrio da microbiota intestinal. Além disso, a análise de Sequenciamento do Microbioma Intestinal 16S permite avaliar as proporções populacionais das bactérias que habitam o intestino, revelando desequilíbrios que podem gerar desconfortos e alterações clínicas importantes.

POR QUE FAZER?

A análise da microbiota apresenta potencial benefícios na relação da distribuição de bactérias, indicando disbiose, presença de bactérias patogênicas ou o perfeito equilíbrio. Esse entendimento pode transmitir um sentimento de alívio sobre a incerteza e auxiliar a tomada de decisão sobre os cuidados com a saúde. Por exemplo, um resultado que aponte para a riqueza da microbiota e perfeito equilíbrio biótico pode eliminar a necessidade de check-ups e exames complementares desnecessários, tendo também seu valor excludente, direcionando a continuidade da pesquisa diagnóstica quando um sintoma é presente. O resultado positivo para a disbiose melhor direciona a prevenção, monitoramento e opções de tratamento e intervenção



PREVINA
DOENÇA



ENTENDA SEU
ORGANISMO



PERSONALIZE SUA
ALIMENTAÇÃO



OBTENHA DIAGNÓSTICOS
MAIS PRECISOS



LAUDO DA ANÁLISE DE
MICROBIOMA INTESTINAL

NOME DO PACIENTE

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

FICHA CLÍNICA

Peso: 55 Kg

Altura: 160 cm

IMC: 21,48

Sinais e sintomas (motivo para a realização do teste):

Sensibilidade abdominal; Dor abdominal; Distensão abdominal; Flatulência; Constipação; Náusea.

Doenças pré-existentes:

Intolerância à lactose.

Medicamentos em uso (inclusive probióticos):

Não informado.

Dietas específicas:

Não informado.

Hábitos alimentares:

Não informado.

As informações contidas nesta seção são de responsabilidade do cliente.



RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

RIQUEZA DA MICROBIOTA

Esse parâmetro mede a diversidade de espécies que a sua microbiota apresenta. Estudos mostram que quanto mais diversidade mais saudável é seu intestino.

O estudo da sua microbiota mostrou um índice de riqueza adequado.

BACTÉRIAS PROBIÓTICAS

As bactérias probióticas, como *Bifidobacterium* e *Lactobacillus*, conferem benefícios à sua saúde.

No estudo da sua microbiota foram identificados os gêneros *Bifidobacterium* e *Lactobacillus*. No estudo da sua microbiota foi identificado o gênero *Lactobacillus*, porém não foram encontrados níveis representativos de bactérias do gênero *Bifidobacterium*.

DISTRIBUIÇÃO DOS FILOS

Este parâmetro mostra a proporção dos filos da sua microbiota.

O estudo da sua microbiota intestinal revelou um desequilíbrio na distribuição do filos.

RAZÃO FIRMICUTES/BACTEROIDETES

Estes são os filos mais predominantes da microbiota intestinal, sendo que indivíduos saudáveis apresentam razão F/B de aproximadamente 1,0.

O estudo da sua microbiota intestinal apresentou uma razão F/B de 4,63.

BACTÉRIAS ANTI-INFLAMATÓRIAS

A *Akkermansia muciniphila* é uma bactéria com ação anti-inflamatória, que apresenta níveis habituais entre 0,5 - 5 %. O aumento ou a diminuição destes níveis pode estar associado à permeabilidade intestinal.

O estudo da sua microbiota mostrou que o nível de *Akkermansia muciniphila* está acima do ideal.

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.



NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

RESULTADO DA ANÁLISE DE SEQUENCIAMENTO MICROBIOMA INTESTINAL – 16S

Nosso corpo é um ecossistema que abriga trilhões de microrganismos vivos e essa convivência harmônica, nas quantidades adequadas, nos mantém saudáveis. O ecossistema dentro do seu intestino é conhecido como microbioma intestinal, que quando saudável permite a manutenção e equilíbrio do seu organismo, podendo regular o seu peso, suas funções metabólicas, humorais e a defesa contra doenças oportunistas.

*ÍNDICE DE DIVERSIDADE DE SHANNON: 3,62 ●

Com o resultado do sequenciamento foi calculado o Índice de Diversidade de Shannon, que avalia a heterogeneidade da população bacteriana presente na microbiota intestinal.

De acordo com a literatura, o Índice de Shannon de uma microbiota intestinal varia de 2,25 a 3,86 (Christoff et al., 2019).

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

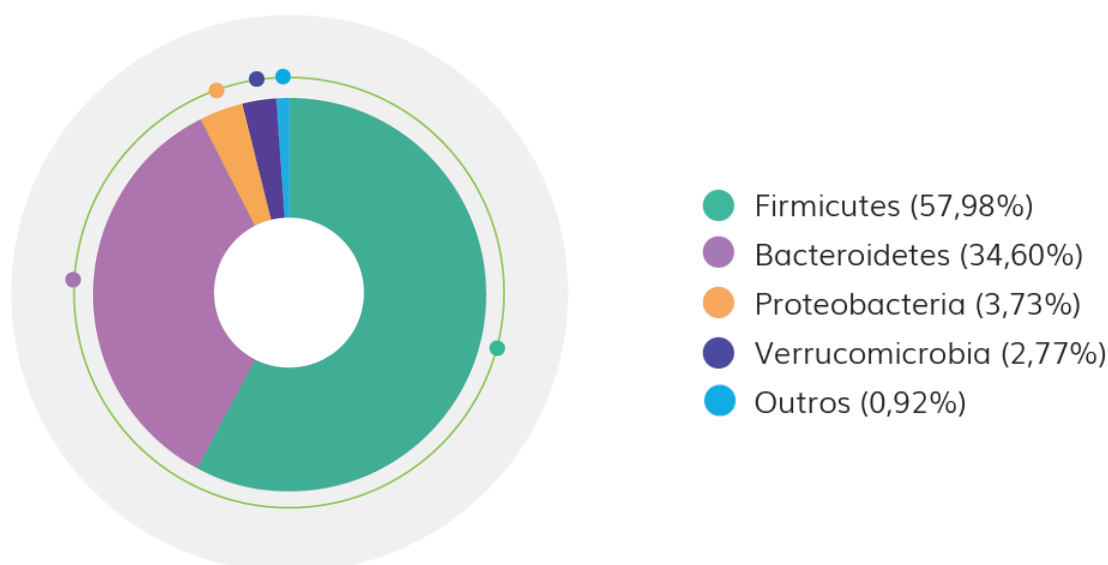
Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

PROPORÇÃO DOS FILOS

O Sequenciamento do Microbioma Intestinal detectou a presença dos filios:



Os filios com representatividade abaixo de 1 % no Sequenciamento de Nova Geração - 16S com análise Metagenômica (Illumina, CA) estão descritos no gráfico na categoria "outros".

*RAZÃO FIRMICUTES/BACTEROIDETES: 1,68. (Valor de referência: ~1,0). ●

A microbiota intestinal humana habitual de indivíduos saudáveis apresenta maior proporção de bactérias pertencentes aos filios Firmicutes (F) e Bacteroidetes (B), com uma razão F/B próxima a 1,0, sendo que esses filios somam aproximadamente 90 % da microbiota total (Human Microbiome Project Consortium, 2012).

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

ESPÉCIES MAIS RELEVANTES ENCONTRADAS EM CADA FILO

Filo

FIRMICUTES – 57,98 %

● Foi identificada a espécie *Faecalibacterium prausnitzii*: 8,19 %

A microbiota intestinal de indivíduos saudáveis apresenta uma proporção habitual de 5 a 15 % de *F. prausnitzii* (Qin et al., 2010; Arumugam et al., 2011; Miquel et al., 2013; Rajilić-Stojanović e de Vos, 2014; Fitzgerald et al., 2018). Esta é uma bactéria comensal com propriedades anti-inflamatórias devido a sua capacidade de produzir moléculas de ácidos graxos de cadeia curta (AGCCs) a partir da fermentação de polissacarídeos não digeríveis, com ação protetora para distúrbios gastrointestinais (Miquel et al., 2013).

● Foi identificada a espécie *Neglecta timonensis*: 4,78 %

A espécie *N. timonensis* foi descrita em estudos com cultura de fezes de indivíduos saudáveis. Existem poucas informações na literatura sobre esta espécie de bactéria, entretanto há probabilidade da *Neglecta timonensis* ser comensal ao intestino humano (Diakite et al., 2019).

● Foi identificada a espécie *Eubacterium eligens*: 4,72 %

A *Eubacterium eligens* é uma bactéria encontrada no trato gastrointestinal de indivíduos saudáveis, principalmente indivíduos que apresentam dietas vegetarianas, e está relacionada com a fermentação de polissacarídeos, como a pectina (Gibson et al., 1995; Ruengsomwong et al., 2016).

● Foi identificada a espécie *Fusicatenibacter saccharivorans*: 4,08 %

A *F. saccharivorans* é uma bactéria pouco descrita na literatura científica e está relacionada com a produção de lactato, acetato e succinato como principais produtos da fermentação da glicose (Takada et al., 2013).

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

● Foi identificada a espécie *Lactobacillus rogosae*: 0,17 %

A *Lactobacillus rogosae* é uma bactéria gram-positiva, anaeróbica e está relacionada com a produção de ácido lático e ácido acético. O gênero *Lactobacillus* pode contribuir para a saúde do indivíduo, sendo frequentemente incluído em suplementos probióticos (Felis et al., 2004; Di Cerbo et al., 2016).

Filo

BACTEROIDETES – 34,60%

O filo Bacteroidetes, junto com o filo Firmicutes, são os filios mais abundantes na microbiota intestinal humana habitual, sendo o filo Bacteroidetes composto por cerca de 20 diferentes gêneros (Moraes et al., 2014).

● Foi identificada a espécie *Bacteroides uniformis*: 7,28 %

A *B. uniformis* é uma bactéria comumente encontrada na microbiota humana, apresentando uma capacidade glicolítica elevada quando comparada com outras espécies deste filo. Dietas ricas em fibras ativam vias moleculares nessa espécie de bactéria, auxiliando a produção de diferentes tipos de metabólitos com potencial impacto na saúde intestinal (Benítez-Páez et al., 2017).

A diminuição da diversidade da microbiota intestinal e da espécie *Bacteroides uniformis* podem estar associadas com Doença Celíaca (Sánchez et al., 2010).

● Foi identificada a espécie *Bacteroides vulgatus*: 5,01 %

A *B. vulgatus* é considerada uma bactéria comensal da microbiota intestinal, mas pode contribuir para processos pró-inflamatórios (Cuív et al., 2011).

● * Foi identificada a espécie *Bacteroides massiliensis*: 4,78 %

Bacteroides são bactérias comensais e um dos gêneros mais prevalentes do intestino humano. Elas estão relacionadas com a fermentação de carboidratos complexos, como as fibras e grãos integrais, porém algumas espécies estão associadas com a digestão de gorduras. A espécie *B. massiliensis* ainda é pouco descrita na literatura científica (Patnode et al., 2019).

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

Filo

PROTEOBACTERIA – 3,73%

A microbiota intestinal de indivíduos saudáveis apresenta uma proporção habitual de até 5 % do filo Proteobacteria (Costello et al., 2009; Caporaso et al., 2011; Human Microbiome Project Consortium, 2012; Shin et al., 2015).

- Foi identificado o gênero *Escherichia/Shigella*: 3,22 %

Os gêneros *Shigella* e *Escherichia* são geneticamente muito similares, o que impede a caracterização e diferenciação das espécies pela metodologia empregada nesta análise. *Shigella* é um dos gêneros patógenos entéricos mais importantes, responsáveis por disenteria bacilar (Ragupathi et al., 2018). *E. coli* é uma bactéria comensal e a sua presença em indivíduos assintomáticos pode ser habitual, porém quantidade elevada pode estar associada a alterações funcionais (Palmela et al., 2018).

Filo

VERRUCOMICROBIA– 43,67 %

- Foi identificada a espécie *Akkermansia muciniphila*: 2,76 %

A *A. muciniphila* é uma bactéria comumente encontrada na microbiota intestinal e representa uma proporção de 0,5 a 5 % da microbiota total de indivíduos saudáveis (Derrien et al., 2004; Belzer e de Vos, 2012). Esta espécie possui propriedades benéficas atuando na modulação do muco intestinal e na manutenção da integridade da parede celular intestinal, sendo associada a dietas ricas em prebióticos e baixa ingestão de ácidos graxos saturados (Cani e de Vos, 2017; Zhou, 2017).

Filo

ACTINOBACTERIA– 0,21 %

O filo *Actinobacteria*, embora represente apenas uma pequena porcentagem da microbiota intestinal total, possui espécies bacterianas essenciais na manutenção da homeostase intestinal (Binda et al., 2018).

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

***GÊNEROS MAIS PREVALENTES IDENTIFICADOS, INDEPENDENTE DO FILO:**

MICROBIOTA	PORCENTAGEM IDENTIFICADA
<i>Akkermansia</i>	26,99 %
<i>Bacteroidetes</i>	8,23 %
<i>Akkermansia</i>	8,19 %
<i>Bacteroidetes</i>	5,79 %
<i>Akkermansia</i>	4,08 %
<i>Bacteroidetes</i>	3,85 %
<i>Dorea</i>	3,22 %

***ESPÉCIES MAIS PREVALENTES IDENTIFICADAS, INDEPENDENTE DO FILO:**

MICROBIOTA	PORCENTAGEM IDENTIFICADA
<i>Akkermansia muciniphila</i>	8,19 %
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	7,28 %
<i>Dorea longicatena</i>	5,02 %
<i>Bacteroides vulgatus</i>	4,78 %
<i>Blautia wexlerae</i>	4,78 %
<i>Coprococcus catus</i>	4,72 %
<i>Roseburia faecis</i>	4,08 %
<i>Collinsella aerofaciens</i>	2,76 %
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	2,42 %
<i>Subdoligranulum variabile</i>	2,13 %

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

***BACTÉRIAS QUE APRESENTAM ATIVIDADES. ANTI-INFLAMATÓRIAS E/OU PROBIÓTICAS:**

MICROBIOTA	PORCENTAGEM IDENTIFICADA	REFERÊNCIA
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	8,19 %	5 - 15 %
<i>Akkermansia muciniphila</i>	2,76 %	0,5 - 5 %
<i>Lactobacillus rogosae</i>	0,17 %	–

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

INTERPRETAÇÃO DA ANÁLISE

* Este estudo sugeriu um desequilíbrio na população bacteriana, porém com riqueza adequada da microbiota intestinal. Foram encontradas bactérias anti-inflamatórias da espécie Akkermansia muciniphila e das probióticas do gênero Lactobacillus. Entretanto não foram identificados níveis representativos das bactérias probióticas do gênero Bifidobacterium.



Dr. Gil Monteiro Novo Filho
CRBio: 54507/01-D



Dra. Evelin Aline Zanardo
CRBM: 14692



Dra. Luana Sola da Silva
CRF: 55085

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

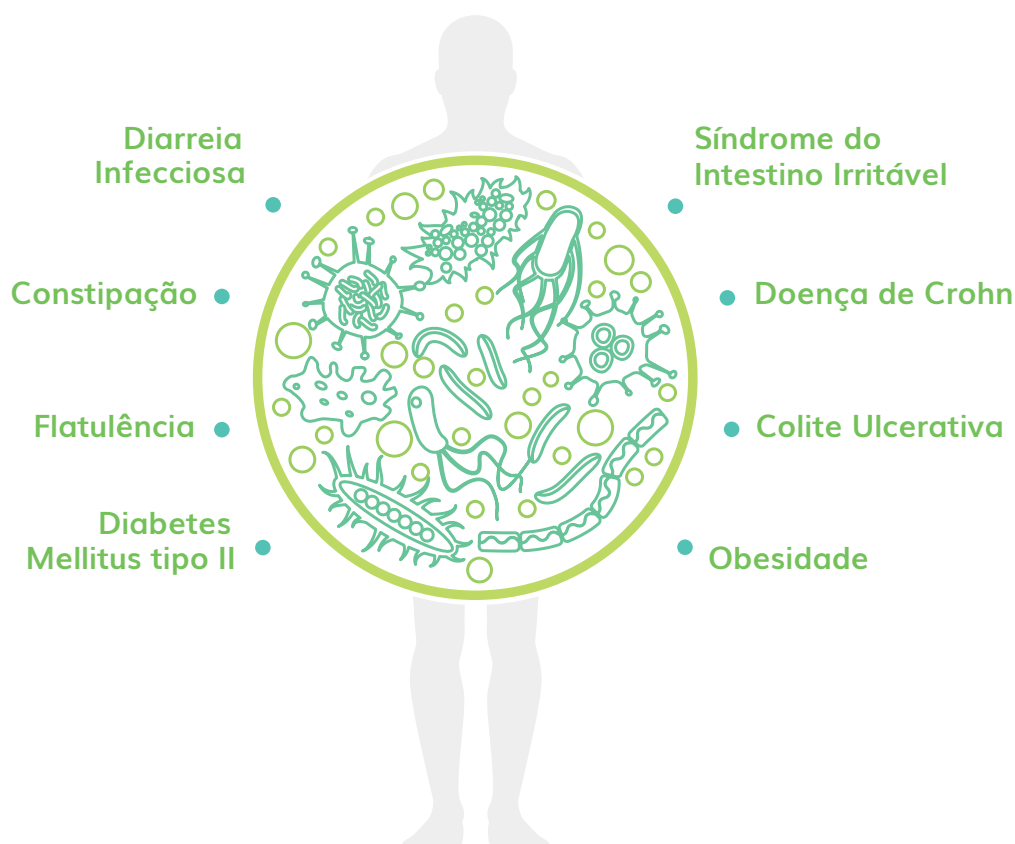
Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

A MICROBIOTA INTESTINAL PODE ESTAR RELACIONADA COM AS CONDIÇÕES CLÍNICAS ESPECÍFICAS DESCRITAS NA FIGURA ABAIXO.

CONFIRA NAS TABELAS A RELAÇÃO DA SUA MICROBIOTA COM ESTAS CONDIÇÕES.



RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

PERFIL DA SUA MICROBIOTA RELACIONADA À
SÍNDROME DO INTESTINO IRRITÁVEL

MICROBIOTA	RESULTADO	IMPACTO
Proporção dos filós	Nível adequado de Proteobacteria	●
Alistipes	Identificada	●
Bifidobacterium	Não identificada / Representatividade baixa	●
Blautia	Não identificada / Representatividade baixa	●
Campylobacter	Não identificada / Representatividade baixa	●
Collinsella aerofaciens	Não identificada / Representatividade baixa	●
Escherichia / Shigella	Não identificada / Representatividade baixa	●
Escherichia coli	Não identificada / Representatividade baixa	●
Lactobacillus	Não identificada / Representatividade baixa	●
Methanobrevibacter smithii	Não identificada / Representatividade baixa	●
Paraprevotella	Não identificada / Representatividade baixa	●
Salmonella enterica	Não identificada / Representatividade baixa	●
Veillonella	Não identificada / Representatividade baixa	●

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

PERFIL DA SUA MICROBIOTA RELACIONADA À
DOENÇA DE CROHN

MICROBIOTA	RESULTADO	IMPACTO
Proporção dos filós	Nível adequado de Proteobacteria	●
Akkermansia muciniphila	Nível diminuído	●
Bacteroides	Não identificada / Representatividade baixa	●
Bifidobacterium	Não identificada / Representatividade baixa	●
Clostridium	Não identificada / Representatividade baixa	●
Clostridium difficile	Não identificada / Representatividade baixa	●
Desulfovibrio	Não identificada / Representatividade baixa	●
Dialister invisus	Não identificada / Representatividade baixa	●
Escherichia / Shigella	Não identificada / Representatividade baixa	●
Faecalibacterium prausnitzii	Não identificada / Representatividade baixa	●
Fusobacterium	Não identificada / Representatividade baixa	●
Gemmiger formicilis	Não identificada / Representatividade baixa	●
Lactobacillus	Não identificada / Representatividade baixa	●
Methanobrevibacter smithii	Não identificada / Representatividade baixa	●
Odoribacter	Não identificada / Representatividade baixa	●
Parabacteroides	Não identificada / Representatividade baixa	●
Phascolarctobacterium	Não identificada / Representatividade baixa	●
Prevotella	Não identificada / Representatividade baixa	●
Roseburia	Não identificada / Representatividade baixa	●
Ruminococcus	Não identificada / Representatividade baixa	●

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

**PERFIL DA SUA MICROBIOTA RELACIONADA À
COLITE ULCERATIVA**

MICROBIOTA	RESULTADO	IMPACTO
Proporção dos filós	Nível adequado de Proteobacteria	●
Akkermansia muciniphila	Nível baixo	●
Bacteroides	Não identificada / Representatividade baixa	●
Bifidobacterium	Não identificada / Representatividade baixa	●
Campylobacter	Não identificada / Representatividade baixa	●
Clostridium	Não identificada / Representatividade baixa	●
Clostridium difficile	Não identificada / Representatividade baixa	●
Lactobacillus	Não identificada / Representatividade baixa	●
Methanobrevibacter smithii	Não identificada / Representatividade baixa	●
Odoribacter	Não identificada / Representatividade baixa	●
Phascolarctobacterium	Não identificada / Representatividade baixa	●
Prevotella	Não identificada / Representatividade baixa	●
Roseburia	Não identificada / Representatividade baixa	●
Ruminococcus	Não identificada / Representatividade baixa	●
Ruminococcus albus	Não identificada / Representatividade baixa	●
Salmonella	Não identificada / Representatividade baixa	●
Salmonella enterica	Não identificada / Representatividade baixa	●

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

PERFIL DA SUA MICROBIOTA RELACIONADA À OBESIDADE

MICROBIOTA	RESULTADO	IMPACTO
Proporção dos filos	Nível elevado de Firmicutes	●
<i>Akkermansia muciniphila</i>	Nível baixo	●
<i>Alistipes</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Anaerotruncus colihominis</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Bacteroides</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Barnesiella</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Bifidobacterium</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Butyricimonas</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Butyrivibrio crossotus</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Dialister</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Fusobacterium</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Lactobacillus</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Ruminococcus</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Ruminococcus flavefaciens</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

PERFIL DA SUA MICROBIOTA RELACIONADA À DIABETES MELLITUS TIPO II

MICROBIOTA	RESULTADO	IMPACTO
<i>Akkermansia muciniphila</i>	Nível baixo	●
<i>Barnesiella</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Clostridium</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Collinsella</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Desulfovibrio</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Lactobacillus</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Prevotella</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Roseburia</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●

PERFIL DA SUA MICROBIOTA RELACIONADA À FLATULÊNCIA

MICROBIOTA	RESULTADO	IMPACTO
<i>Blautia</i>	Identificada	●
<i>Clostridium</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Coprococcus</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Oscillospira</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Phascolarctobacterium</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

PERFIL DA SUA MICROBIOTA RELACIONADA À CONSTIPAÇÃO

MICROBIOTA	RESULTADO	IMPACTO
<i>Bifidobacterium</i>	Identificada	●
<i>Butyricimonas</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Coprococcus</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Faecalibacterium</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Gelria</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Holdemania</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Paraprevotella</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Phascolarctobacterium</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Roseburia</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Veillonella</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●

PERFIL DA SUA MICROBIOTA RELACIONADA À DIARREIA INFECCIOSA

MICROBIOTA	RESULTADO	IMPACTO
<i>Campylobacter</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Clostridium</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Clostridium difficile</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Clostridium perfringens</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Escherichia / Shigella</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Lactobacillus</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●
<i>Salmonella enterica</i>	Não identificada / Representatividade baixa	●

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

Vibrio cholerae

Não identificada / Representatividade baixa



SUGESTÃO DE MODULAÇÃO CLÍNICA E TERAPÊUTICA DA MICROBIOTA INTESTINAL

MICROBIOTA	SUGESTÃO DE MODULAÇÃO CLÍNICA E TERAPÊUTICA
Filo Firmicutes (NÍVEL ELEVADO)	<p>O filo <i>Firmicutes</i> em excesso possui característica de fermentação e extração calórica do alimento. Essas bactérias têm preferência para fermentação de carboidratos e leite e derivados. O ideal é adequar o filo <i>Bacteroidetes</i> para conseguir um equilíbrio da razão <i>Firmicutes/Bacteroidetes</i>.</p> <p>DICAS PRÁTICAS: Diminuir o consumo de carboidratos simples, açúcares e gorduras.</p> <p>(Ley et al., 2006)</p>
Filo Bacteroidetes (NÍVEL BAIXO)	<p>Este é um filo bem diversificado, sendo que algumas bactérias fermentam fibras e outras gorduras.</p> <p>DICAS PRÁTICAS: Para elevar o nível de <i>Bacteroidetes</i>, o ideal é aumentar o consumo de fibras na dieta, principalmente algumas fibras fermentativas encontradas em legumes, verduras e grãos. Inicie a inclusão de fibras aos poucos para não gerar sintomas de gases e desconfortos.</p> <p>(Nogay e Nahikian-Nelms, 2019)</p>
Bifidobacterium (AUSENTE / BAIXA REPRESENTATIVIDADE)	<p>Estudos mostram que o consumo de fibras prebióticas contribuem para aumentar os níveis de <i>Bifidobacterium</i>, como por exemplo, FOS, GOS, aveia, goma acácia, legumes (batata doce) e verduras (escarola, brócolis e couve-flor).</p> <p>Os prebióticos são fibras que servem de alimento para as bactérias probióticas, que são essenciais para a defesa do seu organismo e promoção da saciedade.</p> <p>Dicas práticas:</p>

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

A suplementação com probiótico rico em espécies de Bifidobacterium também pode contribuir para aumentar os níveis destas bactérias no intestino. Para o consumo do probiótico, procure um profissional médico ou nutricionista.

(Rinninella et al., 2019; Sanders et al., 2019)

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

METODOLOGIA

- Sequenciamento de Nova Geração (Sequenciamento Massivo em Paralelo) do microbioma intestinal 16S - regiões V3 e V4 (Plataforma Illumina).
- Este laudo representa a investigação da microbiota intestinal da amostra enviada ao laboratório, com finalidade de pesquisa para o apoio clínico.
- O resultado representa o conhecimento científico atual, analisado no banco de dados 16S Metagenomics (Illumina, Inc.) de acordo com as informações clínicas fornecidas pelo cliente.
- Bactérias com baixa cobertura (abaixo de 0,1 % do total de reads) no teste não estão representadas neste laudo.
- Os dados brutos estão disponíveis na base de dados do laboratório.

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

REFERÊNCIA

- Arumugam M, Raes J, Pelletier E, et al. Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature*. 2011; 473(7346):174- 80.
- Belzer C, de Vos WM. Microbes inside-from diversity to function: The case of Akkermansia. *ISME J*. 2012;6(8):1449-58.
- Benítez-Páez A, Gómez Del Pulgar EM, Sanz Y. The glycolytic versatility of *Bacteroides uniformis* CECT 7771 and its genome response to oligo and polysaccharides. *Front Cell Infect Microbiol*. 2017;7:383.
- Binda C, Lopetuso LR, Rizzatti G, Gibilino G, Cennamo V, Gasbarrini A. Actinobacteria: A relevant minority for the maintenance of gut homeostasis. *Dig Liver Dis*. 2018;50(5):421-8.
- Cani PD, de Vos WM. Next-generation beneficial microbes: The case of *Akkermansia muciniphila*. *Front Microbiol*. 2017;8:1765.
- Caporaso JG, Lauber CL, Costello EK, Berg-Lyons D, Gonzalez A, Stombaugh J, Knights D, Gajer P, Ravel J, Fierer N, Gordon JI, Knight R. Moving pictures of the human microbiome. *Genome Biol*. 2011;12(5):R50.
- Christoff AP, Cruz GNF, Sereia AFR, Yamanaka LE, Silveira, PP, Oliveira, LFV. End-to-end assessment of fecal bacteriome analysis: From sample processing to DNA sequencing and bioinformatics results. *bioRxiv*. 2019.
- Costello EK, Lauber CL, Hamady M, Fierer N, Gordon JI, Knight R. Bacterial community variation in human body habitats across space and time. *Science*. 2009;326(5960):1694-7.
- Cuív PÓ, Klaassens ES, Durkin AS, Harkins DM, Foster L, McCorrison J, Torralba M, Nelson KE, Morrison M. Draft genome sequence of *Bacteroides vulgatus* PC510, a strain isolated from human feces. *J Bacteriol*. 2011;193(15):4025-6.
- Derrien M, Vaughan EE, Plugge CM, de Vos WM. *Akkermansia muciniphila* gen. nov., sp. nov., a human intestinal mucin-degrading bacterium. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2004;54(Pt 5):1469-76.
- Di Cerbo A, Palmieri B, Aponte M, Morales-Medina JC, Iannitti T. Mechanisms and therapeutic effectiveness of lactobacilli. *J Clin Pathol*. 2016;69(3):187-203. - Diakite A, Dubourg G, Dione N, et al. Extensive culturomics of 8 healthy samples enhances metagenomics efficiency. *PLoS ONE*. 2019;14(10):e0223543.
- Felis GE, Torriani S, Dellaglio F. The status of the species *Lactobacillus rogosae* Holdeman and Moore 1974. Request for an opinion. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2004;54(Pt 5):1903-4.
- Fitzgerald CB, Shkoporov AN, Sutton TDS, Chaplin AV, Velayudhan V, Ross RP, Hill C. Comparative analysis of *Faecalibacterium prausnitzii* genomes shows a high level of genome plasticity and warrants separation into new species-level taxa. *BMC Genomics*. 2018;19(1):931.
- Gibson GR, Roberfroid, MB. Dietary modulation of the human colonic microbiota: Introducing the concept of prebiotics. *J Nutr*. 1995;125(6):1401-12.
- Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*. 2012;486(7402):207-14.
- Ley RE, Turnbaugh PJ, Klein S, Gordon JI. Microbial ecology: Human gut microbes associated with obesity. *Nature*. 2006;444(7122):1022-3.
- 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*. 2013;16(3):255-61.
- Moraes ACF, Silva IT, Almeida-Pititto B, Ferreira SRG. Microbiota intestinal e risco cardiometabólico: mecanismos e modulação dietética. *Arq Bras Endocrinol Metab*. 2014;58(4):317-27.
- Nogay NH, Nahikian-Nelms M. Can we reduce autism-related gastrointestinal and behavior problems by gut microbiota based dietary modulation? A review. *Nutr Neurosci*. 2019;19:1-12.
- Palmela C, Chevarin C, Xu Z, Torres J, Sevrin G, Hirten R, Barnich N, Ng SC, Colombel JF. Adherent-invasive *Escherichia coli* in inflammatory bowel disease. *Gut*. 2018;67(3):574-87.
- Patnode ML, Beller ZW, Han ND, et al. Interspecies competition impacts targeted manipulation of human gut bacteria by fiber-derived glycans. *Cell*. 2019;179(1):59-73.
- Qin J, Li R, Raes J, et al. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*. 2010;464(7285):59-65.
- Ragupathi NKD, Sethuvel DPM, Inbanathan FY, Veeraraghavan B. Accurate differentiation of *Escherichia coli* and *Shigella* serogroups: challenges and strategies. *New Microbe New Infect*. 2017;21:58-62.
- Rajilić-Stojanović M, de Vos WM. The first 1000 cultured species of the human gastrointestinal microbiota. *FEMS Microbiol Rev*. 2014;38(5):996-1047.

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

NOME DO PACIENTE

Sexo do Paciente: Masculino

Data de Nascimento: 15/09/1990

Solicitante: (NI) Não Informado

Tecnologia: NGS Sequenciamento de Nova Geração

Coleta realizada em: 17/10/2020

Laudo - Microbioma Intestinal

- Rinninella E, Raoul P, Cintoni M, Franceschi F, Miggiano GAD, Gasbarrini A, Mele MC. What is the health gut microbiota composition? A changing ecosystem across age, environment, diet, and diseases. *Microorganisms*. 2019;7(1).
- Ruengsomwong S, La-Ongkham O, Jiang J, Wannissorn B, Nakayama J, Nitisinprasert S. Microbial Community of Healthy Thai Vegetarians and Non-Vegetarians, Their Core Gut Microbiota, and Pathogen Risk. *J Microbiol Biotechnol*. 2016;26(10):1723-35.
- Sánchez E, Donat E, Ribes-Koninckx C, Calabuig M, Sanz Y. Intestinal Bacteroides species associated with coeliac disease. *J Clin Pathol*. 2010;62(12):1105-11.
- Sanders ME, Merenstein DJ, Reid G, Gibson GR, Rastall RA. Probiotics and prebiotics in intestinal health and disease: From biology to the clinic. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*. 2019;16(10):605-16.
- Shin NR, Whon TW, Bae JW. Proteobacteria: Microbial signature of dysbiosis in gut microbiota. *Trends Biotechnol*. 2015;33(9):496-503.
- Takada T, Kurakawa T, Tsuji H, Nomoto K. *Fusicatenibacter saccharivorans* gen. nov., sp. nov., isolated from human faeces. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2013;63(Pt 10):3691-6.
- Zhou K. Strategies to promote abundance of *Akkermansia muciniphila*, an emerging probiotics in the gut, evidence from dietary intervention studies. *J Funct Foods*. 2017;33:194-201.

RESPONSÁVEL TÉCNICA: LUANA SOLA SILVA - CRF: 55.085

Os valores preditivos dos exames devem ser relacionados com os dados clínicos do paciente e devem ser analisados pelo médico responsável em conjunto com a história clínica do paciente.

