



Solicitação

Cliente:
Data de Nascimento:
Solicitante:
Protocolo:

Teste

Teste: Microbioma GeneOne - Microbioma Intestinal
Método: Sequenciamento de DNA de alto desempenho da região V3/V4 do gene 16S rRNA
Material: Swab de fezes em solução estabilizante (NeoSample-Z)

Liberação

Amostra recebida em:
Resultado liberado em:
Resultado liberado por:
Ma. Laís Eiko Yamanaka CRBio-03 nº 118262/03-D
Dr. Alessandro Conrado de Oliveira Silveira CRF/SC 3016

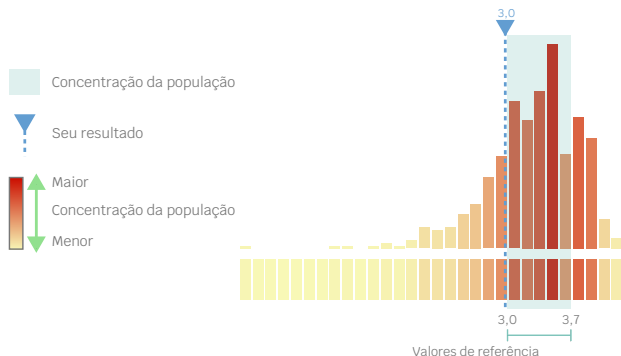
MODELO

Resultados e interpretações

Conclusão do resultado: ● **EM EQUILÍBRIO**

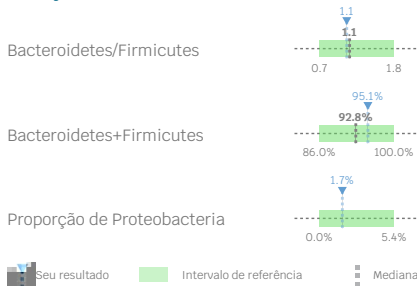
Foram encontrados indicadores associados ao equilíbrio da microbiota intestinal.

Índice de alfa diversidade

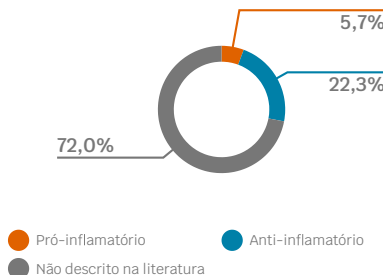


Relação de sintomas relatados e bactérias presentes no resultado

Relação entre filos



Perfil de bactérias



Enterotipo

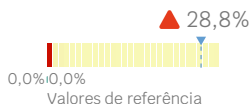
Enterotipo 1 - Predominância de *Bacteroides*

A predominância relativa do gênero *Bacteroides* em relação aos gêneros *Prevotella* e *Ruminococcus*, tem sido utilizada para distinguir a microbiota intestinal em um enterotipo específico, que está relacionado ao maior consumo, a longo prazo, de gordura animal e dieta rica em proteína.^{1,2,3}

Bactérias que são mais relevantes no seu resultado:

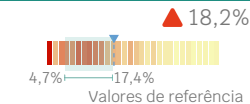
Bacteroides plebeius

Possui papel fundamental na degradação de carboidratos complexos, pois possui enzimas para essa função que estão ausentes do genoma humano.^{4,5}



Faecalibacterium prausnitzii

Em abundância adequada, atua como fator de proteção em relação aos diversos distúrbios gastrointestinais. Possui propriedades anti-inflamatórias devido à capacidade de produzir AGCC.⁶



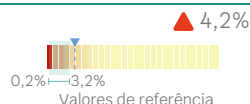
Eubacterium siraeum

Não há relatos consistentes na literatura científica a respeito da sua função na microbiota intestinal.



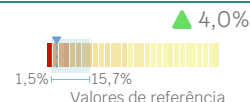
Alistipes

Diets ricas em gordura podem levar a um aumento na proporção do gênero *Alistipes*.⁷ Entretanto, existem poucos estudos relevantes sobre a sua função na microbiota intestinal.



Bacteroides vulgatus

Bactéria comensal da microbiota intestinal, mas em proporção elevada pode ser um patógeno oportunista ocasional, capaz de se ligar e invadir células epiteliais do intestino e de induzir citocinas pró-inflamatórias.⁸

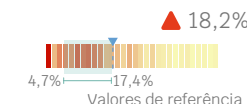


▲ Dentro dos valores de referência ▲ Fora dos valores de referência ✗ Sem dados

Bactérias consideradas marcadores de saúde intestinal:

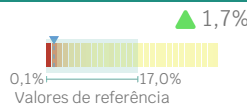
Faecalibacterium prausnitzii

Em abundância adequada, atua como fator de proteção em relação aos diversos distúrbios gastrointestinais. Possui propriedades anti-inflamatórias devido à capacidade de produzir AGCC.⁶



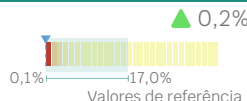
Roseburia

É importante no processo de digestão de carboidratos complexos e produz AGCC que podem atuar contra processos inflamatórios, na manutenção da imunidade e na motilidade do cólon.⁹



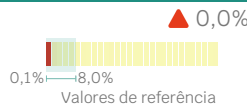
Eubacterium rectale

É uma bactéria benéfica por produzir um AGCC, o butirato, que possui propriedades anti-inflamatórias, auxilia na proliferação de colonócitos e na manutenção da integridade da barreira intestinal.¹⁰



Akkermansia muciniphila

Possui propriedades benéficas, está envolvida na manutenção da integridade da barreira intestinal. Está associada a dietas ricas em prebióticos e com baixa ingestão de ácidos graxos saturados.^{11,12}



Bifidobacterium

Possui efeito benéfico na manutenção da barreira intestinal graças à produção elevada de AGCC. Produz especialmente acetato, que protege o hospedeiro de infecções por bactérias enteropatogênicas.¹³





Dados clínicos

Não foram fornecidos, pelo cliente e profissional solicitante, dados sobre sintomas e condições apresentadas pelo cliente.

De acordo com dados fornecidos, o cliente:

- Não está em uso de antimicrobianos.
- Não está em uso de quimioterápicos.
- Não faz terapia com dieta específica.
- Não passou por mudança drástica de estilo de vida recentemente.

Motivo de solicitação

Disbiose intestinal

Resultados relevantes

- Dentre os resultados obtidos, destacamos:
 - Índice de diversidade bacteriana no limite do valor de referência.
 - Razão entre os filos Bacteroidetes/Firmicutes em equilíbrio.
 - Proporção entre os demais filos em equilíbrio.
 - Predominância de bactérias específicas.
 - Presença de bactérias associadas à saúde intestinal.
 - Maior proporção de bactérias com perfil anti-inflamatório comparado com pró-inflamatório.

Filo Bacteroidetes - Gênero Bacteroides - Espécie Bacteroides plebeius

- Foi identificada a presença de *Bacteroides plebeius* em proporção aumentada (28,8%).
 - A espécie *B. plebeius*, assim como outras espécies do gênero *Bacteroides*, possuem papel fundamental na degradação de carboidratos complexos, pois possuem enzimas que estão ausentes do genoma humano.^{4,5}
 - *Bacteroides plebeius* é uma bactéria encontrada na microbiota intestinal, mais frequentemente encontrada na população japonesa. Pesquisadores revelaram uma possível transferência horizontal de genes de bactérias marinhas para *B. plebeius*, esses genes possibilitam a síntese de enzimas que degradam polissacarídeo porfirano (carboidratos) das algas. Como o consumo de algas marinhas é um hábito bastante antigo no Japão, os estudos sugerem que ao longo dos anos e com o consumo diário de algas, essas cepas se espalharam, conferindo uma particularidade a essa população, tornando-os capazes, de maneira indireta, de digerir esse alimento.^{4,5}

Considerações finais

- As características de uma microbiota intestinal em equilíbrio incluem: diversidade adequada, equilíbrio entre os filos, presença de bactérias associadas à saúde intestinal e ausência ou baixa abundância de bactérias patogênicas/patobiontes.
 - No presente resultado foi observado que os filos estão em equilíbrio, o índice de diversidade está dentro dos valores de referência, há presença de bactérias associadas à saúde intestinal, há presença de bactérias com perfil anti-inflamatório e baixa proporção de bactérias patobiontes.
 - Foi observado um aumento de algumas bactérias, mas, são bactérias comensais e não possuem um perfil patogênico.
- Portanto, foram encontrados indicadores associados ao equilíbrio da microbiota intestinal.
 - Destaca-se a predominância de *Bacteroides plebeius*, apesar de ser uma bactéria comensal, o excesso pode não ser tão benéfico para o equilíbrio intestinal. Recomenda-se o monitoramento.

Observações nutricionais

*Toda intervenção dietoterápica, inclusão de suplemento vitamínico e mineral, recursos ergogênicos, probióticos, prebióticos, entre outros, deve ser acompanhada por nutricionista ou médico.

Sintomas e condições

Diversidade

- Ao comparar as dietas vegetariana, ovolactovegetariana e onívora é possível verificar que quanto maior a introdução de vegetais na dieta, maior é a diversidade bacteriana da microbiota intestinal do indivíduo.¹⁴

Modulação intestinal

- Polifenóis derivados da uva podem modular a microbiota intestinal e contribuir para o crescimento de bactérias benéficas a saúde.^{15,16}

Eubacterium rectale

- Dieta rica em amido resistente é capaz de aumentar a população de *Eubacterium rectale*, embora não seja o degradante primário desse glicano.¹⁷



Akkermansia muciniphila

- A abundância relativa de *A. muciniphila* está associada a adoção de dietas ricas em prebióticos e com baixa ingestão de ácidos graxos saturados.¹¹
- A abundância de *A. muciniphila* pode ser aumentada por meio do consumo de prebióticos, frutooligossacarídeos (FOS) e polifenóis.¹⁸

Bifidobacterium e *Akkermansia muciniphila*

- A gordura proveniente das dietas vegetariana e vegana é formada predominantemente por ácidos graxos mono e polinsaturados, favorecendo o crescimento bactérias biomarcadoras da saúde, como *Bifidobacterium* e *Akkermansia muciniphila*.¹⁹

Bifidobacterium e *Lactobacillus*

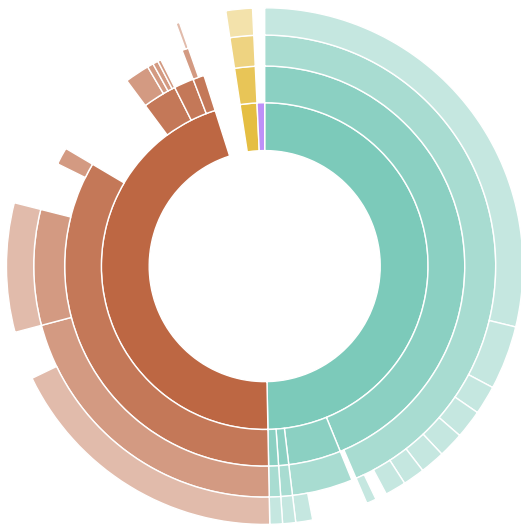
- O suco de laranja pode modular positivamente a composição e a atividade metabólica da microbiota, aumentando a população de *Bifidobacterium* e *Lactobacillus*²⁰ e também pode aumentar moléculas como inositol, colina, lisina e arginina.²¹
- A intervenção com fibra alimentar, incluindo frutanos e galacto-oligossacarídeos, pode alterar a composição da microbiota intestinal, promovendo o aumento na abundância de *Bifidobacterium* e *Lactobacillus spp.* Além disso, pode aumentar a concentração de butirato decorrente da fermentação microbiana; o butirato melhora a função da barreira epitelial e neutraliza a inflamação intestinal.²²

Cuidados especiais

- Diversos componentes da dieta podem impactar **negativamente** a permeabilidade intestinal:
 - Os aditivos alimentares, encontrados em alimentos e bebidas industrializadas, são considerados por diversos autores como prejudiciais para a saúde intestinal. Eles podem ser conservantes, aromatizantes artificiais, corantes, emulsificantes e adoçantes artificiais.^{23,24,25,26}
 - Emulsificantes alimentares diminuem a diversidade da microbiota intestinal, favorecem a inflamação e reduzem a espessura da camada de muco.²³
 - Adoçantes não nutricionais (estévia, aspartame e sacarina) têm efeito bacteriostático na microbiota intestinal.²⁷
 - Em uma dieta com pouco consumo de fibras, a microbiota intestinal passa a degradar o muco presente na barreira intestinal aumentando a susceptibilidade a patógenos.²⁸



Gráfico taxonômico do resultado



Percentual de classificação taxonômica

Filo	97,5%
Família	90,4%
Gênero	84,7%
Espécie	73,6%

Legenda

Disposição taxonômica



Bacteroidetes	49,7%
<i>Bacteroides plebeius</i>	28,8%
<i>Bacteroides vulgatus</i>	4,0%
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	1,8%
<i>Bacteroides uniformis</i>	1,8%
<i>Bacteroides dorei</i>	1,6%

Firmicutes	45,4%
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	18,2%
<i>Eubacterium siraeum</i>	8,1%
<i>Eubacterium rectale</i>	0,2%

Proteobacteria	1,7%
<i>Parasutterella excrementihominis</i>	1,7%

Synergistetes	0,8%
Não identificado	-

*Resumo das principais espécies bacterianas encontradas em cada filo.



Lista de filos

Bacteroidetes	49,7%
Firmicutes	45,4%
Proteobacteria	1,7%
Synergistetes	0,8%

Lista de famílias

Bacteroidaceae	43,8%
Ruminococcaceae	33,8%
Rikenellaceae	4,2%
Lachnospiraceae	2,8%
Sutterellaceae	1,7%
Oscillospiraceae	1,6%
Eubacteriaceae	0,9%
Tannerellaceae	0,8%
Barnesiellaceae	0,8%

Lista de gêneros

<i>Bacteroides</i>	43,5%
<i>Faecalibacterium</i>	21,2%
<i>Ruminiclostridium</i>	8,1%
<i>Alistipes</i>	4,2%
<i>Roseburia</i>	1,7%
<i>Parasutterella</i>	1,7%
<i>Subdoligranulum</i>	1,2%
<i>Parabacteroides</i>	0,8%
<i>Barnesiella</i>	0,8%
<i>Eubacterium</i>	0,5%
<i>Coproccoccus</i>	0,4%
<i>Lachnoclostridium</i>	0,4%
<i>Anaerostipes</i>	0,2%

Lista de espécies

<i>Bacteroides plebeius</i>	28,8%
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	18,2%
<i>Eubacterium siraeum</i>	8,1%
<i>Bacteroides vulgatus</i>	4,0%
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	1,8%
<i>Bacteroides uniformis</i>	1,8%
<i>Parasutterella excrementihominis</i>	1,7%
<i>Bacteroides dorei</i>	1,6%
<i>Bacteroides clarus</i>	1,6%
<i>Bacteroides salyersiae</i>	1,4%
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	1,3%
<i>Alistipes putredinis</i>	1,1%
<i>Parabacteroides distasonis</i>	0,8%
<i>Barnesiella intestinhominis</i>	0,8%
<i>Bacteroides fragilis</i>	0,6%

<i>Eubacterium rectale</i>	0,2%
----------------------------	------

Referências

- Arumugam M, Raes J, et al. Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature*. 2011;473(7346):174–180. doi:10.1038/nature09944.
- Wu GD, Chen J, Hoffmann C, et al. Linking Long-Term Dietary Patterns with Gut Microbial Enterotypes. *Science*. 2011;334(6052):105–108. doi:10.1126/science.1208344.
- Kovatcheva-Datchary P, Nilsson A, Akrami R, et al. Dietary Fiber-Induced Improvement in Glucose Metabolism Is Associated with Increased Abundance of *Prevotella*. *Cell Metabolism*. 2015;22(6):971–982. doi:10.1016/j.cmet.2015.10.001.
- Hehemann J-H, Kelly AG, Pudlo NA, Martens EC, Boraston AB. Bacteria of the human gut microbiome catabolize red seaweed glycans with carbohydrate-active enzyme updates from extrinsic microbes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2012;109(48):19786–19791. doi:10.1073/pnas.1211002109.
- Hehemann J-H, Correc G, Barbeyron T, Helbert W, Czjzek M, Michel G. Transfer of carbohydrate-active enzymes from marine bacteria to Japanese gut microbiota. *Nature*. 2010;464(7290):908–912. doi:10.1038/nature08937.
- Miquel S, Martín R, Rossi O, et al. *Faecalibacterium prausnitzii* and human intestinal health. *Current Opinion in Microbiology*. 2013;16(3):255–261. doi:10.1016/j.mib.2013.06.003.
- Wan Y, Wang F, Yuan J, et al. Effects of dietary fat on gut microbiota and faecal metabolites, and their relationship with cardiometabolic risk factors: a 6-month randomised controlled-feeding trial. *Gut*. 2019;68(8):1417–1429. doi:10.1136/gutjnl-2018-317609.
- Cuiv PO, Klaassens ES, Durkin AS, et al. Draft Genome Sequence of *Bacteroides vulgatus* PC510, a Strain Isolated from Human Feces. *Journal of Bacteriology*. 2011;193(15):4025–4026. doi:10.1128/jb.05256-11.



9. Tamanai-Shacoori Z, Smida I, Bousarghin L, et al. *Roseburia* spp.: a marker of health? *Future Microbiology*. 2017;12(2):157–170. doi:10.2217/fmb-2016-0130.
10. Wang H-B, Wang P-Y, Wang X, Wan Y-L, Liu Y-C. Butyrate Enhances Intestinal Epithelial Barrier Function via Up-Regulation of Tight Junction Protein Claudin-1 Transcription. *Digestive Diseases and Sciences*. 2012;57(12):3126–3135. doi:10.1007/s10620-012-2259-4.
11. Cani PD, de Vos WM. Next-Generation Beneficial Microbes: The Case of *Akkermansia muciniphila*. *Frontiers in Microbiology*. 2017;8. doi:10.3389/fmicb.2017.01765.
12. Geerlings S, Kostopoulos I, de Vos W, Belzer C. *Akkermansia muciniphila* in the Human Gastrointestinal Tract: When, Where, and How? *Microorganisms*. 2018;6(3):75. doi:10.3390/microorganisms6030075.
13. Binda C, Lopetuso LR, Rizzatti G, Gibiino G, Cennamo V, Gasbarrini A. Actinobacteria: A relevant minority for the maintenance of gut homeostasis. *Digestive and Liver Disease*. 2018;50(5):421–428. doi:10.1016/j.dld.2018.02.012.
14. Ley RE, Hamady M, Lozupone C, et al. Evolution of Mammals and Their Gut Microbes. *Science*. 2008;320(5883):1647–1651. doi:10.1126/science.1155725.
15. Ercolini D, Fogliano V. Food Design To Feed the Human Gut Microbiota. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2018;66(15):3754–3758. doi:10.1021/acs.jafc.8b00456.
16. Nash V, Ranadheera CS, Georgousopoulou EN, et al. The effects of grape and red wine polyphenols on gut microbiota – A systematic review. *Food Research International*. 2018;113:277–287. doi:10.1016/j.foodres.2018.07.019.
17. Cockburn DW, Orlovsky NI, Foley MH, et al. Molecular details of a starch utilization pathway in the human gut symbiont *Eubacterium rectale*. *Molecular Microbiology*. 2014;95(2):209–230. doi:10.1111/mmi.12859.
18. Zhou K. Strategies to promote abundance of *Akkermansia muciniphila*, an emerging probiotics in the gut, evidence from dietary intervention studies. *Journal of Functional Foods*. 2017;33:194–201. doi:10.1016/j.jff.2017.03.045.
19. Singh RK, Chang H-W, Yan D, et al. Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health. *Journal of Translational Medicine*. 2017;15(1). doi:10.1186/s12967-017-1175-y.
20. Lima ACD, Cecatti C, Fidélis MP, et al. Effect of Daily Consumption of Orange Juice on the Levels of Blood Glucose, Lipids, and Gut Microbiota Metabolites: Controlled Clinical Trials. *Journal of Medicinal Food*. 2019;22(2):202–210. doi:10.1089/jmf.2018.0080.
21. Brasil E, Hassimotto NMA, Del Chierico F, et al. Daily Consumption of Orange Juice from Citrus sinensis L. Osbeck cv. Cara Cara and cv. Bahia Differently Affects Gut Microbiota Profiling as Unveiled by an Integrated Meta-Omics Approach. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2019;67(5):1381–1391. doi:10.1021/acs.jafc.8b05408.
22. So D, Whelan K, Rossi M, et al. Dietary fiber intervention on gut microbiota composition in healthy adults: a systematic review and meta-analysis. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2018;107(6):965–983. doi:10.1093/ajcn/nqy041.
23. Chassaing B, Koren O, Goodrich JK, et al. Dietary emulsifiers impact the mouse gut microbiota promoting colitis and metabolic syndrome. *Nature*. 2015;519(7541):92–96. doi:10.1038/nature14232.
24. Roca-Saavedra P, Mendez-Vilabril V, Miranda JM, et al. Food additives, contaminants and other minor components: effects on human gut microbiota—a review. *Journal of Physiology and Biochemistry*. 2017;74(1):69–83. doi:10.1007/s13105-017-0564-2.
25. Shi Z. Gut Microbiota: An Important Link between Western Diet and Chronic Diseases. *Nutrients*. 2019;11(10):2287. doi:10.3390/nu11102287.
26. Riccio P, Rossano R. Undigested Food and Gut Microbiota May Cooperate in the Pathogenesis of Neuroinflammatory Diseases: A Matter of Barriers and a Proposal on the Origin of Organ Specificity. *Nutrients*. 2019;11(11):2714. doi:10.3390/nu11112714.
27. Suez J, Korem T, Zeevi D, et al. Artificial sweeteners induce glucose intolerance by altering the gut microbiota. *Nature*. 2014;514(7521):181–186. doi:10.1038/nature13793.
28. Desai MS, Seekatz AM, Koropatkin NM, et al. A Dietary Fiber-Deprived Gut Microbiota Degrades the Colonic Mucus Barrier and Enhances Pathogen Susceptibility. *Cell*. 2016;167(5):1339–1353.e21. doi:10.1016/j.cell.2016.10.043.

Valores de referência

- ▲ O resultado encontra-se dentro da faixa dos valores de referência para a população brasileira.
- ▲ O resultado encontra-se fora da faixa dos valores de referência da população brasileira.
- ✗ Não há dados da população brasileira para avaliação do resultado.

O teste de Microbioma Intestinal utiliza os valores de referência obtidos a partir da análise de um banco de dados da microbiota intestinal de indivíduos brasileiros e dados publicados na literatura científica.

Sobre o teste

O Microbioma Intestinal é um teste molecular para a identificação da composição da microbiota intestinal. A microbiota do intestino humano 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. O estado de disbiose é caracterizado pela queda da diversidade de bactérias, com aumento da proporção de bactérias patogênicas.

Esse teste identifica as bactérias que compõe a microbiota por meio de seu DNA. Essa análise é composta de protocolos moleculares (sequenciamento de DNA de alto desempenho) e de bioinformática e tem como objetivo fornecer a detecção acurada da comunidade de bactérias do trato intestinal humano.

O teste Microbioma Intestinal é utilizado para apoio ao diagnóstico de diversas condições, bem como acompanhamento de diversos tratamentos medicamentosos e com base na dieta alimentar. Esse exame não deve ser utilizado como única ferramenta para o diagnóstico das diversas condições de saúde. Também não deve ser utilizado como substituto de tratamentos e/ou de consultas periódicas aos profissionais de saúde. A interpretação dos resultados do teste Microbioma Intestinal 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.

Consulte sempre o seu profissional de saúde.

Direitos Autorais Reservados®