



Nome



Glossário

Microbioma:

Conjunto de micro-organismos (bactérias, vírus, fungos e arqueias) que habitam um ambiente específico, como o intestino.

Disbiose:

Desequilíbrio da microbiota intestinal, podendo causar inflamações, distúrbios metabólicos e problemas digestivos.

Bactérias Patogênicas:

Microorganismos que podem causar doenças quando em excesso ou quando o sistema imunológico está enfraquecido.

Prebióticos:

Substâncias não digeríveis (fibras e oligossacarídeos) que estimulam o crescimento das bactérias benéficas no intestino.

Microbiota:

População de micro-organismos que compõem o microbioma, influenciando saúde digestiva, imunidade e metabolismo.

Bactérias Comensais:

Bactérias benéficas que vivem no corpo sem causar danos e ajudam na digestão e imunidade.

Probióticos:

Microorganismos vivos que, quando consumidos em quantidades adequadas, promovem benefícios à saúde.

Simbióticos:

Produtos que combinam probióticos e prebióticos para potencializar seus benefícios.

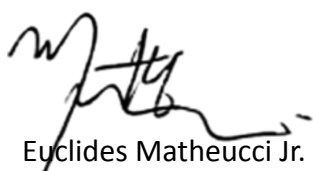
Olá, tudo bem? Somos a DNA Club e temos o propósito de fornecer a você, de forma direta, informações genéticas que revelam caminhos para uma vida melhor. Nascemos para trazer a possibilidade de um autoconhecimento profundo, ajudando você a ser sua melhor versão!

Usando a técnica de Sequenciamento de DNA de alto desempenho da região V3/V4 do gene 16S rRNA, nossos especialistas analisam a composição e diversidade do seu microbioma intestinal. A partir dessas informações, combinadas com estudos científicos de alta credibilidade, oferecemos insights sobre como seu microbioma pode influenciar sua saúde, metabolismo, imunidade e bem-estar.

O programa de genômica personalizada da DNA Club foi desenvolvido para que você possa expandir seu potencial de vida por meio de nossas soluções genéticas, compreendendo melhor o equilíbrio do seu microbioma e como ele impacta seu dia a dia.

Seu microbioma revela segredos sobre sua saúde e bem-estar. Descubra como ele impacta sua saúde e receba dicas para equilibrá-lo!

Euclides Matheucci Jr.
Diretor Científico



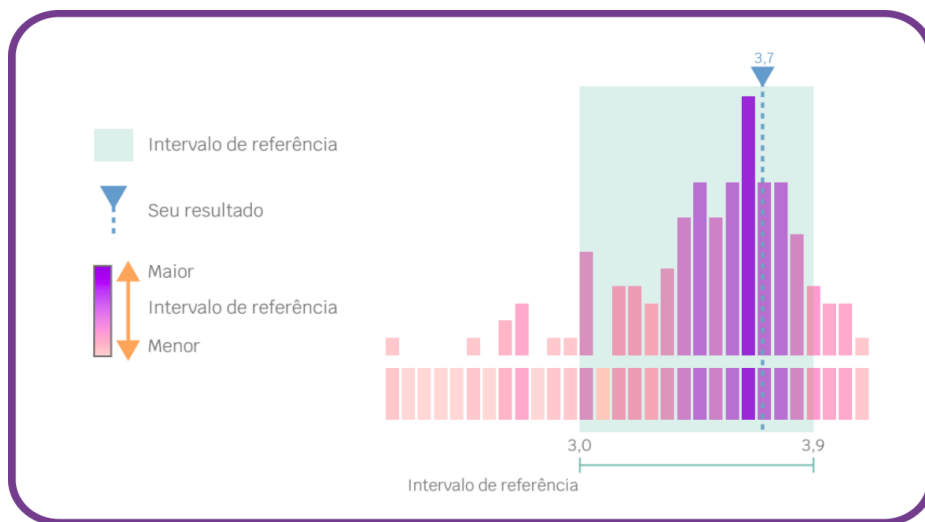
Euclides Matheucci Jr.
Diretor científico



GRUPO **DNA**

Cliente: Diana Ventura	Solicitante: -
Data de nascimento: 13/02/1996	Tipo de amostra: Swab de fezes em solução estabilizante (ZSample)
ID Club:	Data de coleta:
Teste: Microbioma Intestinal Plus	Data de entrada:
Método: Sequenciamento de DNA de alto desempenho por tagmentação/shotgun - metagenômica	Resultado liberado em:

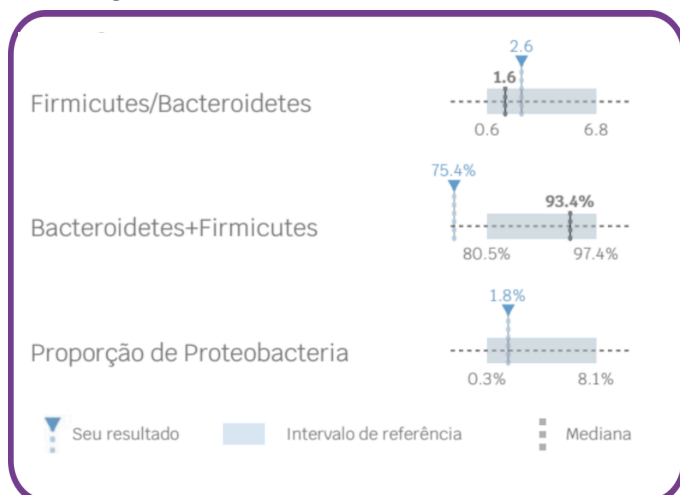
Índice de alfa diversidade



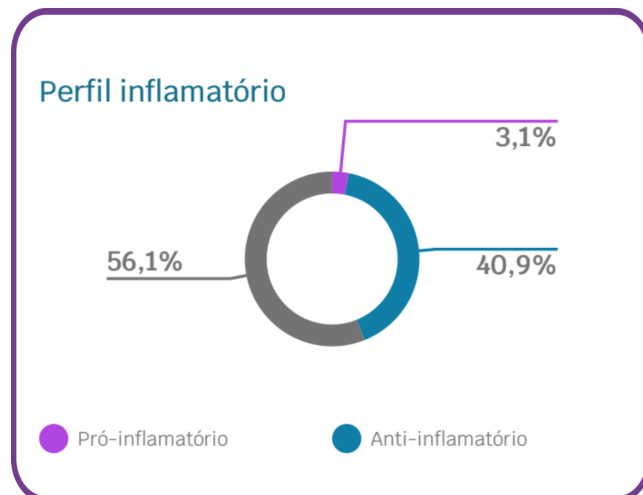
Relação de sintomas relatados e bactérias presentes no resultado:

Não há correlação.

Relação entre filos



Perfil inflamatório



Enterotipo

Não classificado

Enterotipo é uma classificação da microbiota intestinal de acordo com sua composição e que se relaciona, principalmente, aos padrões alimentares de longa duração, no entanto, esta classificação foi definida em indivíduos adultos e não se aplica às crianças, adolescentes e idosos.

Bactérias mais abundantes no seu resultado

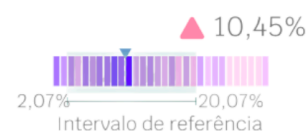
Akkermansia muciniphila

Possui propriedades benéficas, está envolvida na manutenção da integridade da barreira intestinal, e associada a dietas ricas em prebióticos e com baixa ingestão de ácidos graxos saturados (1,2)



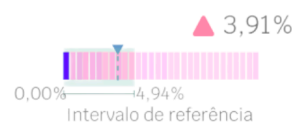
Faecalibacterium prausnitzii

Em abundância adequada, atua como fator de proteção em relação aos diversos distúrbios gastrointestinais. Possui propriedades anti-inflamatórias devido à produção de AGCC (3).



Ruminococcus bromii

Bactéria encontrada na microbiota intestinal com capacidade de produzir butirato a partir do amido resistente (4,5,6,7).



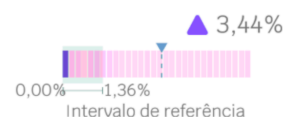
Alistipes putredinis

Dietas ricas em gordura podem levar a um aumento na proporção do gênero Alistipes (8). Entretanto, existem poucos estudos relevantes sobre a sua função na microbiota intestinal.



Paraprevotella clara

Espécie comensal na microbiota intestinal capaz de degradar tripsina, contribuindo para a manutenção de IgAs e proteção contra infecções por patógenos (9,10).



O valor obtido é compatível com os parâmetros de referência para a população brasileira.



O valor obtido não se enquadra nos parâmetros de referência para a população brasileira.



Não há valores de referência estabelecidos para a população brasileira nesse parâmetro.

Principais bactérias marcadoras de saúde intestinal

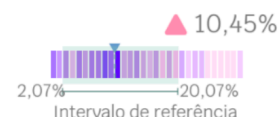
Akkermansia muciniphila

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



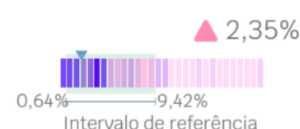
Faecalibacterium prausnitzii

Em abundância adequada, atua como fator de proteção em relação aos diversos distúrbios gastrointestinais. Possui propriedades anti-inflamatórias devido à produção de AGCC (3).



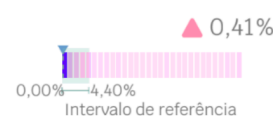
Roseburia

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 (11).



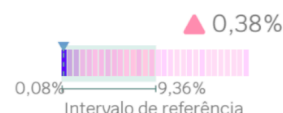
Bifidobacterium

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 (12).



Eubacterium rectale

Bactéria benéfica por produzir butirato que possui propriedades anti-inflamatórias, auxilia na proliferação de colonócitos e na manutenção da integridade da barreira intestinal (13).



O valor obtido é compatível com os parâmetros de referência para a população brasileira.



O valor obtido não se enquadra nos parâmetros de referência para a população brasileira.

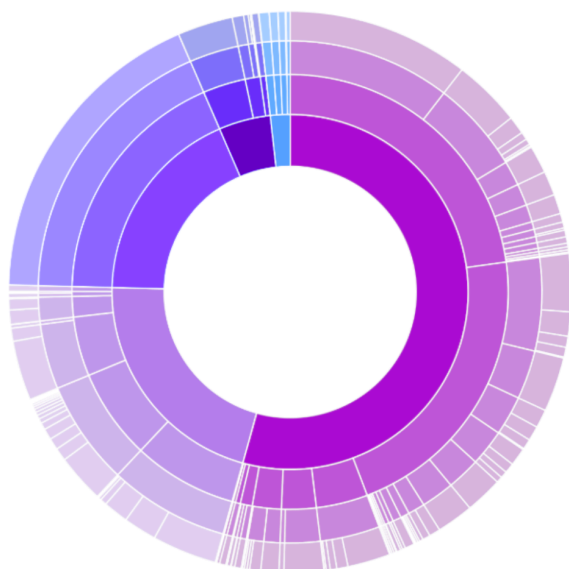


Não há valores de referência estabelecidos para a população brasileira nesse parâmetro.

O teste de Microbioma Intestinal utiliza os intervalos de referência obtidos a partir da análise de um banco de dados da microbiota intestinal de indivíduos brasileiros adultos.

Gráfico taxonômico do resultado

Percentual de classificação taxonômica



Filo	100,0000%
Família	100,0000%
Gênero	100,0000%
Espécie	100,0000%

Disposição taxonômica



Resumo das principais espécies bacterianas encontradas em cada filo.

Firmicutes	54,28%	Bacteroidetes	21,11%
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	10,45%	<i>Alistipes putredinis</i>	3,71%
<i>Ruminococcus bromii</i>	3,90%	<i>Paraprevotella clara</i>	3,44%
<i>Blautia obeum</i>	3,33%	<i>Bacteroides dorei</i>	2,79%
<i>Fusicatenibacter saccharivorans</i>	3,14%	<i>Alistipes communis</i>	1,91%
<i>Eubacterium eligens</i>	2,45%	<i>Alistipes shahii</i>	1,45%
Actinobacteria	4,70%	Verrucomicrobia	18,12%
<i>Collinsella aerofaciens</i>	3,17%	<i>Akkermansia muciniphila</i>	18,12%
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	0,66%		
<i>Bifidobacterium longum</i>	0,39%		
<i>Gordonibacter urolithinifaciens</i>	0,26%		
<i>Gordonibacter pamelaiae</i>	0,12%		

Proteobacteria	1,77%
<i>Bilophila wadsworthia</i>	0,59%
<i>Escherichia coli</i>	0,49%
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	0,42%
<i>Oxalobacter formigenes</i>	0,23%
<i>Parasutterella excrementihominis</i>	0,037%

Resumo das espécies mais abundantes encontradas em cada filo

Lista de filós

Lista de famílias

Firmicutes	54,28%	Oscillospiraceae	22,8034%
Bacteroidetes	21,11%	Lachnospiraceae	21,4499%
Proteobacteria	9,6%	Akkermansiaceae	18,1206%
Verrucomicrobia	18,12%	Oscillospiraceae	7,7172%
Actinobacteria	4,70%	Bacteroidaceae	6,7299%
Proteobacteria	1,77%	Prevotellaceae	4,4163%
		Eubacteriaceae	3,8245%
		Coriobacteriaceae	3,1750%
		Peptostreptococcaceae	2,5581%
		Clostridiaceae	2,1489%
		Tannerellaceae	1,5246%
		Eggerthellaceae	1,1175%
		Erysipelotrichaceae	0,8877%
		Desulfovibrionaceae	0,5876%
		Enterobacteriaceae	0,4994%

Sutterellaceae

0,4596%

Lista de famílias

Bifobacteriaceae	0,4061%
Odoribacteraceae	0,3651%
Acidaminococcaceae	0,3609%
Barnesiellaceae	0,3567%
Oxalobacteraceae	0,2308%
Lactobacillaceae	0,1815%
Streptococcaceae	0,0682%
Leuconostocaceae	0,0052%
Actinomycetaceae	0,0052%

Lista de gêneros

Lista de espécies

Akkermansia	18,1206%	<i>Akkermansia muciniphila</i>	18,12%
Faecalibacterium	10,4537%	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	10,45%
Alistipes	7,7172%	<i>Ruminococcus bromii</i>	3,91%
Bacteroides	6,7299%	<i>Alistipes putredinis</i>	3,71%
Blautia	5,9870%	<i>Paraprevotella clara</i>	3,44%
Ruminococcus	5,9178%	<i>Blautia obeum</i>	3,33%
Paraprevotella	4,1960%	<i>Collinsella aerofaciens</i>	3,18%
Eubacterium	3,8245%	<i>Fusicatenibacter saccharivorans</i>	3,15%
Collinsella	3,1750%	<i>Bacteroides dorei</i>	2,80%
Fusicatenibacter	3,1499%	<i>Eubacterium eligens</i>	2,45%
Coprococcus	2,5518%	<i>Romboutsia timonensis</i>	2,28%
Roseburia	2,3472%	<i>Butyrivibrio crossotus</i>	2,14%
Romboutsia	2,2758%	<i>Anaerostipes hadrus</i>	2,12%
Butyrivibrio	2,1436%	<i>Alistipes communis</i>	1,91%

Anaerostipes	2,1163%	<i>Gemmiger formicilis</i>	1,60%
Gemmiger	1,5959%	<i>Alistipes shahii</i>	1,45%
Parabacteroides	1,5246%	<i>Agathobaculum butyriciproducens</i>	1,40%
Agathobaculum	1,4039%	<i>Blautia wexlerae</i>	1,40%
Dysosmobacter	1,1206%	<i>Dysosmobacter welbionis</i>	1,12%
Dorea	1,0807%	<i>Coprococcus eutactus</i>	1,06%
Hungatella	1,0356%	<i>Hungatella hathewayi</i>	1,04%
Clostridium	1,0335%	<i>Ruminococcus lactaris</i>	1,03%
Adlercreutzia	0,6579%	<i>Roseburia faecis</i>	1,03%
Bilophila	0,5876%	<i>Coprococcus catus</i>	0,84%
Lachnoclostridium	0,5687%	<i>Parabacteroides merdae</i>	0,82%
Anaerobutyricum	0,5435%	<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	0,75%
Escherichia	0,4994%	<i>Bacteroides uniformis</i>	0,75%
Ruthenibacterium	0,4963%	<i>Bacteroides ovatus</i>	0,67%
Anaerotruncus	0,4753%	<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	0,66%
Sutterella	0,4228%	<i>Eubacterium hallii</i>	0,64%
Biobacterium	0,4061%	<i>Bacteroides massiliensis</i>	0,64%
Intestinimonas	0,3851%	<i>Parabacteroides distasonis</i>	0,64%
Holdemanella	0,3777%	<i>Dorea longicatena</i>	0,64%
Gordonibacter	0,3746%	<i>Blautia massiliensis</i>	0,64%
Subdoligranulum	0,3714%	<i>Clostridium celatum</i>	0,63%
Phascolarctobacterium	0,3609%	<i>Coprococcus comes</i>	0,59%
Barnesiella	0,3567%	<i>Bilophila wadsworthia</i>	0,59%
Eisenbergiella	0,2927%	<i>Roseburia inulinivorans</i>	0,57%
Intestinibacter	0,2822%	<i>Ruminococcus torques</i>	0,57%
Mediterraneibacter	0,2697%	<i>Anaerobutyricum soehngenii</i>	0,54%
Odoribacter	0,2434%	<i>Escherichia coli</i>	0,50%
Oxalobacter	0,2308%	<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	0,50%
Erysipelatoclostridium	0,2298%	<i>Ruminococcus callidus</i>	0,45%
Prevotella	0,2203%	<i>Dorea formicigenerans</i>	0,44%
Turicibacter	0,2088%	<i>Sutterella wadsworthensis</i>	0,42%
Lawsonibacter	0,2078%	<i>Bacteroides vulgatus</i>	0,40%

Lactobacillus	0,1815%	<i>Roseburia hominis</i>	0,39%
Bittarella	0,1710%	<i>Bifidobacterium longum</i>	0,39%
Ruminiclostridium	0,1312%	<i>Intestinimonas massiliensis</i>	0,39%
Faecalicatena	0,1217%	<i>Holdemanella biformis</i>	0,38%
Butyricimonas	0,1217%	<i>Eubacterium rectale</i>	0,38%
Anaerotignum	0,1123%	<i>Alistipes onderdonkii</i>	0,38%
Frisingicoccus	0,0965%	<i>Subdoligranulum variabile</i>	0,37%
Eggerthella	0,0850%	<i>Phascolarctobacterium succinatutens</i>	0,36%
Butyricococcus	0,0797%	<i>Barnesiella intestinihominis</i>	0,36%
Phoceia	0,0734%	<i>Roseburia intestinalis</i>	0,35%
Longibaculum	0,0713%	<i>Anaerotruncus colihominis</i>	0,35%
Tyzzarella	0,0682%	<i>Ruminococcus faecis</i>	0,33%
Streptococcus	0,0567%	<i>Intestinibacter bartlettii</i>	0,28%
Parasutterella	0,0367%	<i>Bacteroides coprophilus</i>	0,26%
Lactococcus	0,0115%	<i>Gordonibacter urolithinfaciens</i>	0,26%
Leuconostoc	0,0052%	<i>Odoribacter splanchnicus</i>	0,24%
Actinomyces	0,0052%	<i>Eubacterium ramulus</i>	0,23%
		<i>Oxalobacter formigenes</i>	0,23%
		<i>Bacteroides pectinophilus</i>	0,23%
		<i>Mediterraneibacter butyricigenes</i>	0,22%
		<i>Clostridium symbiosum</i>	0,21%
		<i>Turicibacter sanguinis</i>	0,21%
		<i>Lawsonibacter asaccharolyticus</i>	0,21%
		<i>Prevotella copri</i>	0,21%
		<i>Clostridium innocuum</i>	0,19%
		<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0,19%
		<i>Bacteroides clarus</i>	0,18%
		<i>Lactobacillus rogosae</i>	0,18%
		<i>Bittarella massiliensis</i>	0,17%
		<i>Eisenbergiella tayi</i>	0,17%
		<i>Alistipes ihumii</i>	0,16%
		<i>Clostridium phoceensis</i>	0,15%

<i>Clostridium perfringens</i>	0,15%
<i>Bacteroides faecis</i>	0,14%
<i>Clostridium leptum</i>	0,13%
<i>Anaerotruncus massiliensis</i>	0,13%
<i>Eisenbergiella massiliensis</i>	0,12%
<i>Faecalicatena contorta</i>	0,12%
<i>Ruminococcus bicirculans</i>	0,12%
<i>Gordonibacter pamelaee</i>	0,12%
<i>Clostridium bolteae</i>	0,11%
<i>Anaerotignum faecicola</i>	0,11%
<i>Bacteroides negoldii</i>	0,11%
<i>Clostridium aldenense</i>	0,11%
<i>Bacteroides salanitronis</i>	0,11%
<i>Clostridium paraputrificum</i>	0,10%
<i>Eubacterium ventriosum</i>	0,10%
<i>Frisingicoccus caecimuris</i>	0,10%
<i>Eggerthella lenta</i>	0,09%
<i>Ruminococcus gnavus</i>	0,08%
<i>Butyricicoccus pullicaecorum</i>	0,08%
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	0,08%
<i>Phoceia massiliensis</i>	0,07%
<i>Longibaculum muris</i>	0,07%
<i>Clostridium scindens</i>	0,07%
<i>Clostridium asparagiforme</i>	0,07%
<i>Tyzzarella nexile</i>	0,07%
<i>Parabacteroides goldsteinii</i>	0,07%
<i>Coprococcus phoceensis</i>	0,07%
<i>Butyricimonas virosa</i>	0,06%
<i>Bacteroides fragilis</i>	0,06%
<i>Alistipes negoldii</i>	0,06%
<i>Butyricimonas faecalis</i>	0,06%
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0,06%

<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0,06%
<i>Alistipes indistinctus</i>	0,05%
<i>Mediterraneibacter massiliensis</i>	0,05%
<i>Thomasclavelia ramosa</i>	0,04%
<i>Parasutterella excrementihominis</i>	0,04%
<i>Bacteroides eggerthii</i>	0,03%
<i>Bacteroides plebeius</i>	0,03%
<i>Bacteroides timonensis</i>	0,03%
<i>Bacteroides pyogenes</i>	0,03%
<i>Eubacterium limosum</i>	0,02%
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	0,02%
<i>Prevotella disiens</i>	0,01%
<i>Lactococcus lactis</i>	0,01%
<i>Lactobacillus sakei</i>	0,01%
<i>Leuconostoc carnosum</i>	0,01%
<i>Actinomyces massiliensis</i>	0,01%

Dados Clínicos

De acordo com os dados fornecidos pelo cliente a partir do formulário de cadastro:

- IMC:
- Amostra:
- Sintomas:
- Escala de Bristol:
- Condições diagnosticadas:
- Pratica exercícios físicos.
- Outros medicamentos e terapias:

Motivo de solicitação

Não informado

Resultados

BACTERIOMA

- Foi identificada a presença do reino **Bacteria**: 100,0000% [Intervalo de referência 98,7813% - 100,0000%]
 - As bactérias estão presentes na microbiota intestinal em maior proporção do que outros microrganismos.

Bactérias patogênicas, patobiontes e/ou pró-inflamatórias acima do intervalo de referência

Bactérias patobiontes são comensais capazes de promover algum dano quando em condições genéticas ou ambientais específicas. Porém, o termo patobionte também é frequentemente usado para identificar bactérias associadas a doenças mesmo quando não há comprovação de causalidade (26).

*Elevações discretas na abundância devem ser avaliadas com cautela.

- Foi identificada a presença da espécie ***Oxalobacter formigenes***: 0,2308% [Intervalo de referência 0,000% - 0,0253%]
 - A espécie *O. formigenes* (filo *Proteobacteria*) é uma bactéria comensal da microbiota intestinal capaz de degradar o oxalato (17,18). Estudos indicam que sua presença na microbiota intestinal está associada a um menor risco de cálculo renal, porém, os achados ainda são preliminares (19,20).
- Foi identificada a presença da espécie ***Clostridium perfringens***: 0,1469% [Intervalo de referência 0,0000% - 0,0985%]
 - *C. perfringens* (filo Firmicutes) é uma espécie de bactéria que pode produzir toxinas e é considerada patogênica (21). É uma das causas mais comuns de diarreia por intoxicação alimentar (22).
- Foi identificada a presença da espécie ***Clostridium paraputrificum***: 0,1028% [Intervalo de referência 0,0000% - 0,0121%]
 - *C. paraputrificum* (filo Firmicutes) é uma bactéria gram positiva e anaeróbica que já foi isolada de indivíduos saudáveis, no entanto estudos preliminares associam a espécie a casos de bacteremia e em pacientes com necrose colônica (23,24,25,26)
- Foi identificada a presença da espécie ***Bacteroides pyogenes***: 0,0252% [Intervalo de referência 0,0000% - 0,000%]
 - *B. pyogenes* (filo Bacteroidetes) é comumente encontrada na cavidade oral de animais (27). Essa espécie é responsável por quadros graves de infecção em humanos associados principalmente à mordida de animais (28,29,30). No entanto, não há dados consistentes sobre o papel dessa espécie na microbiota intestinal.

Proporção entre os filos de bactérias

- Foi identificada a presença do filo **Firmicutes**: 54,2883% [Intervalo de referência 36,2945% - 79,2782%]
- Foi identificada a presença do filo **Bacteroidetes**: 21,1099% [Intervalo de referência 10,9244% - 53,6272%]

- **Razão Firmicutes/Bacteroidetes:** 2,6 [Intervalo de referência 0,6 - 6,8]
 - A microbiota intestinal de indivíduos saudáveis apresenta predomínio de bactérias pertencentes aos filos Firmicutes (Bacillota (31)) e Bacteroidetes (Bacteroidota (31)) (32). Estes filos são responsáveis pela maior parte da variação observada na microbiota intestinal em indivíduos saudáveis devido aos diferentes padrões alimentares, portanto, alterações devem ser avaliadas com cautela (33, 34, 35). Porém, desequilíbrios entre os filos também podem estar associados a condições como Doenças Inflamatórias Intestinais e Síndrome do Intestino Irritável (36).
- Foi identificada a presença do filo **Verrucomicrobia:** 18,1206% [Intervalo de referência 0,0000% - 4,5606%]
 - O filo Verrucomicrobia (Verrucomicrobiota (31)) está presente no trato gastrointestinal humano e é considerado um membro simbiote importante da microbiota (37). A espécie *Akkermansia muciniphila* pertence a este filo.
- Foi identificada a presença do filo **Actinobacteria:** 4,7038% [Intervalo de referência 0,5925% - 9,3090%]
 - O filo Actinobacteria (Actinomycetota (31)) representa apenas uma pequena porcentagem da microbiota intestinal. Entretanto, tem papel importante na manutenção da homeostase da barreira intestinal devido à grande produção dos ácidos graxos de cadeia curta (AGCCs) (12).
- Foi identificada a presença do filo **Proteobacteria:** 1,7774% [Intervalo de referência 0,2514% - 8,1429%]
 - O filo Proteobacteria (Pseudomonadota (31)) é comumente encontrado na microbiota intestinal de indivíduos saudáveis (32,38,39,40).

Archeoma

Não foi identificada a presença do reino **Archaea** [Intervalo de referência 0,0000% - 1,2185%]

- As archaeas estão presentes na microbiota intestinal em menor proporção do que as bactérias, representando abundâncias de cerca de 1,4% (41). Este grupo de microrganismos desempenha funções importantes no intestino principalmente utilizando o di-hidrogênio (H₂) liberado durante a fermentação dos carboidratos para a formação de metano (metanogênese) (42,43). A metanogênese reduz o volume de gases, porém também pode impactar o trânsito gastrointestinal reduzindo o peristaltismo (44).

Micobioma

Não foi identificada a presença do reino **Fungi** [Intervalo de referência 0,0000% - 0,0457%]

- Os fungos estão presentes na microbiota intestinal em menor proporção do que as bactérias, representando abundâncias de até 0,1% (45,46). A maioria dos fungos identificados por sequenciamento são provenientes de alimentos ingeridos ou contaminações ambientais, não representando fungos que estão de fato colonizando o intestino.

Índice de diversidade

O índice de diversidade indica a variedade e a abundância dos microrganismos (bactérias, archaeas e fungos). Em adultos, uma microbiota intestinal diversa é considerada saudável (80).

- Índice de diversidade (**Shannon**): 3,7 [Intervalo de referência 3,0 - 3,9]

Interpretação dos resultados

- Dentre os resultados obtidos, destacamos:
 - BACTÉRIAS**
 - Bactérias marcadoras de saúde intestinal:
 - Detectada **dentro** do intervalo de referência: *Faecalibacterium prausnitzii*, *Roseburia*, *Eubacterium rectale*, *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*.
 - Detectada **acima** do intervalo de referência: *Faecalibacterium prausnitzii*, *Roseburia*, *Eubacterium rectale*.
 - Bactérias patogênicas, patobiontes e/ou pró-inflamatórias detectadas **acima** do intervalo de referência: *Oxalobacter formigenes*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium paraputrificum*, *Bacteroides pyogenes*.
 - Além disso, foi observado o aumento de bactérias comensais que não representam necessariamente uma alteração patológica.
 - Proporção entre os filos identificados:
 - Proporção do filo Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria **dentro do intervalo de referência**.
 - Proporção do filo Verrucomicrobia **acima** do intervalo de referência.
 - ARCHAEAS**
 - Não foram detectadas archaeas.
 - FUNGOS**
 - Não foram detectadas archaeas.
 - MICROBIOMA**
 - Índice de diversidade da microbiota dentro do intervalo de referência.

Conclusão

A interpretação dos resultados foi realizada levando em consideração a distribuição e o intervalo de referência da população brasileira adulta e indica a necessidade de **ATENÇÃO** em

relação a alguns indicadores da microbiota intestinal. Recomenda-se que o profissional de saúde realize a correlação dos resultados com os dados clínicos e demais exames. *Elevações discretas na abundância devem ser avaliadas com cautela.

Referências

1. 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.
2. 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.
3. 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.
4. Ze X, Duncan SH, Louis P, Flint HJ. *Ruminococcus bromii* is a keystone species for the degradation of resistant starch in the human colon. *The ISME Journal*. 2012;6(8):1535–1543. doi:10.1038/ismej.2012.4
5. Rangarajan AA, Chia HE, Azaldegui CA, et al. *Ruminococcus bromii* enables the growth of proximal *Bacteroides thetaiotaomicron* by releasing glucose during starch degradation. *Microbiology*. 2022;168(4). doi:10.1099/mic.0.001180
6. Baxter NT, Schmidt AW, Venkataraman A, Kim KS, Waldron C, Schmidt TM. Dynamics of Human Gut Microbiota and Short-Chain Fatty Acids in Response to Dietary Interventions with Three Fermentable Fibers. Blaser MJ, ed. *mBio*. 2019;10(1):e02566–18. doi:10.1128/mbio.02566-18.
7. Sasaki M, Schwab C, Ramirez Garcia A, et al. The abundance of *Ruminococcus bromii* is associated with faecal butyrate levels and atopic dermatitis in infancy. *Allergy*. 2022;77(12):3629–3640. doi:10.1111/all.15440
8. 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.
9. Morotomi M, Nagai F, Sakon H, Tanaka R. *Paraprevotella clara* gen. nov., sp. nov. and *Paraprevotella xylaniphila* sp. nov., members of the family “Prevotellaceae” isolated from human faeces. *INTERNATIONAL JOURNAL OF SYSTEMATIC AND EVOLUTIONARY MICROBIOLOGY*. 2009;59(8):1895–1900. doi:10.1099/ijs.0.008169-0
10. Li Y, Watanabe E, Kawashima Y, et al. Identification of trypsin-degrading commensals in the large intestine. *Nature*. 2022;609(7927):582–589. doi:10.1038/s41586-022-05181-3
11. 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.
12. 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.
13. 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.
14. 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.
15. Organização Pan-Americana de Saúde. Manejo da desnutrição grave: um manual para profissionais de saúde de nível superior (médicos, enfermeiros, nutricionistas e outros) e suas equipes auxiliares. Genebra: Organização Pan-Americana de Saúde; 1999.
16. Jochum L, Stecher B. Label or Concept – What Is a Pathobiont? *Trends in Microbiology*. 2020;28(10):789–792. doi:10.1016/j.tim.2020.04.011
17. PeBenito A, Nazzari L, Wang C, et al. Comparative prevalence of *Oxalobacter formigenes* in three

- human populations. *Scientific Reports*. 2019;9(1). doi:10.1038/s41598-018-36670-z
18. Liu M, Koh H, Kurtz ZD, et al. Oxalobacter formigenes-associated host features and microbial community structures examined using the American Gut Project. *Microbiome*. 2017;5(1). doi:10.1186/s40168-017-0316-0
19. Kaufman DW, Kelly JP, Curhan GC, et al. Oxalobacter formigenes May Reduce the Risk of Calcium Oxalate Kidney Stones. *Journal of the American Society of Nephrology*. 2008;19(6):1197-1203. doi:10.1681/asn.2007101058
20. Milliner D, Hoppe B, Groothoff J. A randomised Phase II/III study to evaluate the efficacy and safety of orally administered Oxalobacter formigenes to treat primary hyperoxaluria. *Urolithiasis*. 2017;46(4):313-323. doi:10.1007/s00240-017-0998-6
21. 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.
22. SCALLAN E, HOEKSTRA RM, MAHON BE, JONES TF, GRIFFIN PM. An assessment of the human health impact of seven leading foodborne pathogens in the United States using disability adjusted life years. *Epidemiology and Infection*. 2015;143(13):2795-2804. doi:10.1017/s0950268814003185
23. Guerrero-Araya E, Plaza-Garrido A, Díaz-Yañez F, et al. Genome Sequence of Clostridium paraputricum 373-A1 Isolated in Chile from a Patient Infected with Clostridium difficile. *Genome Announcements*. 2016;4(6). doi:10.1128/genomea.01178-16
24. 1.Shinha T, Hadi C. Clostridium paraputricum Bacteremia Associated with Colonic Necrosis in a Patient with AIDS. *Case Reports in Infectious Diseases*. 2015;2015:1-3. doi:10.1155/2015/312919
25. Šimůnek J, Kopečný J, Hodrová B, Bartoňová H. Identification and characterization of Clostridium paraputricum, a chitinolytic bacterium of human digestive tract. *Folia Microbiologica*. 2002;47(5):559-564. doi:10.1007/bf02818798
26. Woo PCY. Clostridium bacteraemia characterised by 16S ribosomal RNA gene sequencing. *Journal of Clinical Pathology*. 2005;58(3):301-307. doi:10.1136/jcp.2004.022830
27. Majewska A, Kierzkowska M, Kawecki D. What we actually know about the pathogenicity of Bacteroides pyogenes. *Medical Microbiology and Immunology*. 2021;210(23):157-163. doi:10.1007/s00430-021-00709-2
28. Fernández Vecilla D, Urrutikoetxea Gutiérrez MJ, Roche Matheus MP, et al. Description of eight human infections caused by Bacteroides pyogenes in a tertiary hospital of northern Spain. *Anaerobe*. 2023;82:102759. doi:10.1016/j.anaerobe.2023.102759
29. Lee HK, Walls G, Anderson G, Sullivan C, Wong CA. Prolonged Bacteroides pyogenes infection in a patient with multiple lung abscesses. *Respirology Case Reports*. 2024;12(3). doi:10.1002/rcr2.1314
30. Lau JSY, Korman TM, Yeung A, Streitberg R, Francis MJ, Graham M. Bacteroides pyogenes causing serious human wound infection from animal bites. *Anaerobe*. 2016;42:172-175. doi:10.1016/j.anaerobe.2016.10.008
31. Oren A, Garrity GM. Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2021;71(10). doi:10.1099/ijsem.0.005056
32. Huttenhower C, Gevers D, Knight R, et al. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature* 486, 207–214 (2012) doi:10.1038/nature11234.
33. Manor O, Dai CL, Kornilov SA, et al. Health and disease markers correlate with gut microbiome composition across thousands of people. *Nature Communications*. 2020;11(1). doi:10.1038/s41467-020-18871-1
34. Lu J, Zhang L, Zhai Q, et al. Chinese gut microbiota and its associations with staple food type, ethnicity, and urbanization. *npj Biofilms and Microbiomes*. 2021;7(1). doi:10.1038/s41522-021-00245-0
35. Wexler AG, Goodman AL. An insider's perspective: Bacteroides as a window into the microbiome. *Nature Microbiology*. 2017;2(5). doi:10.1038/nmicrobiol.2017.26.
36. Vich Vila A, Imhann F, Collij V, et al. Gut microbiota composition and functional changes in inflammatory bowel disease and irritable bowel syndrome. *Science Translational Medicine*. 2018;10(472):eaap8914. doi:10.1126/scitranslmed.aap8914.
37. Earley H, Lennon G, Balfe Á, Coffey JC, Winter DC, O'Connell PR. The abundance of Akkermansia

muciniphila and its relationship with sulphated colonic mucins in health and ulcerative colitis. Scientific Reports. 2019;9(1). doi:10.1038/s41598-019-51878-3.

38. Caporaso JG, Lauber CL, Costello EK, et al. Moving pictures of the human microbiome. Genome Biology. 2011;12(5):R50. doi:10.1186/gb-2011-12-5-r50.

39. 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):1694–1697. doi:10.1126/science.1177486.

40. Shin N-R, Whon TW, Bae J-W. Proteobacteria: microbial signature of dysbiosis in gut microbiota. Trends in Biotechnology. 2015;33(9):496–503. doi:10.1016/j.tibtech.2015.06.011.

41. Kumpitsch C, Fischmeister FPhS, Mahnert A, et al. Reduced B12 uptake and increased gastrointestinal formate are associated with archaeome-mediated breath methane emission in humans. Microbiome. 2021;9(1). doi:10.1186/s40168-021-01130-w

42. Gaci N, Borrel G, Tottey W, O'Toole PW, Brugère J-F. Archaea and the human gut: New beginning of an old story. World Journal of Gastroenterology. 2014;20(43):16062. doi:10.3748/wjg.v20.i43.16062.

43. Ghavami SB, Rostami E, Sephay AA, et al. Alterations of the human gut Methanobrevibacter smithii as a biomarker for inflammatory bowel diseases. Microbial Pathogenesis. 2018;117:285–289. doi:10.1016/j.micpath.2018.01.029.

44. Kalantar-Zadeh K, Berean KJ, Burgell RE, Muir JG, Gibson PR. Intestinal gases: influence on gut disorders and the role of dietary manipulations. Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology. 2019;16(12):733-747. doi:10.1038/s41575-019-0193-z

45. Zhang L, Zhan H, Xu W, Yan S, Ng SC. The role of gut mycobiome in health and diseases. Therapeutic Advances in Gastroenterology. 2021;14:17562848211047doi:10.1177/17562848211047130

46. Zhang F, Aschenbrenner D, Yoo JY, Zuo T. The gut mycobiome in health, disease, and clinical applications in association with the gut bacterial microbiome assembly. The Lancet Microbe. 2022;3(12):e969-e983. doi:10.1016/s2666-5247(22)00203-8

Sobre o teste

O Microbioma CLUB 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 compõem 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.

Este teste foi desenvolvido e teve suas características de desempenho determinadas pela Biome Hub de acordo com o preconizado pela legislação vigente (RDC 302/2005).



Valores de referência

O valor obtido é compatível com os parâmetros de referência para a população brasileira.

O valor obtido não se enquadra nos parâmetros de referência para a população brasileira.

Não há valores de referência estabelecidos para a população brasileira nesse parâmetro.

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.

Consulte sempre o seu profissional de saúde.