



ANÁLISE DE
**MICROBIOMA
FEMININO**

Sequenciamento de Nova Geração
Bactérias + Fungos



Detalhes da análise

A análise de Sequenciamento do Microbioma Feminino Bactérias + Fungos é uma poderosa ferramenta para a identificação da microbiota bacteriana e fúngica presente na sua vagina.

Com a tecnologia de Sequenciamento de Nova Geração (NGS - Next Generation Sequence), é possível realizar a detecção de microrganismos comuns e benignos que habitam a cavidade vaginal e, ao mesmo tempo, mapear bactérias e fungos patogênicos causadores de doenças e de desequilíbrio desta microbiota. Além disso, a análise de Sequenciamento do Microbioma Feminino Bactérias + Fungos permite avaliar as proporções populacionais dos microrganismos, revelando desequilíbrios que podem gerar desconfortos e alterações clínicas importantes.

Dessa maneira, esta análise poderá auxiliar o seu consultor de saúde a elaborar uma estratégia personalizada visando um manejo adequado e um estilo de vida saudável, possibilitando também a realização de prevenções mais direcionadas e o tratamento de doenças específicas.



PREVINA
DOENÇA



ENTENDA SEU
ORGANISMO



PERSONALIZE SUA
ALIMENTAÇÃO



OBTENHA DIA GNÓSTICOS
MAIS PRECISOS



LAUDO DA ANÁLISE DE
MICROBIOMA FEMININO

NOME DO PACIENTE

Nome do paciente:

Sexo do paciente:

Data de nascimento: 00/00/0000

Solicitante: Não informado

Unidade de análise: Inside Central

Tecnologia: Seq. de Nova Geração 16S + ITS

Material de coleta: Mucosa vaginal

Coleta realizada em: 00/00/0000

Amostra recebida em: 00/00/0000

Resultado liberado em: 00/00/0000

Protocolo: 00000000000000

REALIZADO POR
INSIDE DIAGNÓSTICO S.A.



Laudo - Microbioma Feminino

ÍNDICE:

1. Ficha Clínica

2. Resumo dos Resultados da Análise

2.1 Composição Geral da Microbiota Vaginal

2.1.1. Análise das Bactérias

2.1.2. Análise dos Fungos

3. Interpretação dos Resultados da Análise de Sequenciamento do Microbioma Vaginal - 16S + ITS

3.1. Análise Detalhada das Bactérias

3.2. Análise Detalhada dos Fungos

4. Metodologia

5. Controle de Qualidade

Nome do paciente:

Sexo do paciente:

Data de nascimento: 00/00/0000

Solicitante: Não informado

Unidade de análise: Inside Central

Tecnologia: Seq. de Nova Geração 16S + ITS

Material de coleta: Mucosa vaginal

Coleta realizada em: 00/00/0000

Amostra recebida em: 00/00/0000

Resultado liberado em: 00/00/0000

Protocolo: 00000000000000

REALIZADO POR
INSIDE DIAGNÓSTICO S.A.



Laudo - Microbioma Feminino

2. RESUMO DOS RESULTADOS DA SUA ANÁLISE:

2.1. COMPOSIÇÃO GERAL DA MICROBIOTA VAGINAL:



2.1.1. ANÁLISE DAS BACTÉRIAS – 98,8 %

* **Bactérias patobiontes:** Espécie *Bacteroides dorei*

As bactérias patobiontes são aquelas com potencial de causarem algum distúrbio, caso sua abundância aumente na colonização da mucosa vaginal, sendo recomendado a observação de sinais e sintomas de desequilíbrio vaginal.

* **Bactérias patogênicas:** Ausente / Representatividade baixa

As espécies patogênicas são bactérias que podem causar doenças e estão relacionadas com sintomas específicos.

2.1.2. ANÁLISE DOS FUNGOS – 1,2 %

* **Fungos patobiontes:** Ausente / Representatividade baixa

Os fungos patobiontes são aqueles com potencial de causarem algum distúrbio, caso sua abundância aumente na colonização da mucosa vaginal, sendo recomendado a observação de sinais e sintomas de desequilíbrio vaginal.

* **Fungos patogênicos:** Ausente / Representatividade baixa

As espécies patogênicas são fungos que podem causar doenças e estão relacionadas com sintomas específicos.

Nome do paciente:

Sexo do paciente:

Data de nascimento: 00/00/0000

Solicitante: Não informado

Unidade de análise: Inside Central

Tecnologia: Seq. de Nova Geração 16S + ITS

Material de coleta: Mucosa vaginal

Coleta realizada em: 00/00/0000

Amostra recebida em: 00/00/0000

Resultado liberado em: 00/00/0000

Protocolo: 00000000000000

REALIZADO POR
INSIDE DIAGNÓSTICO S.A.



Laudo - Microbioma Feminino

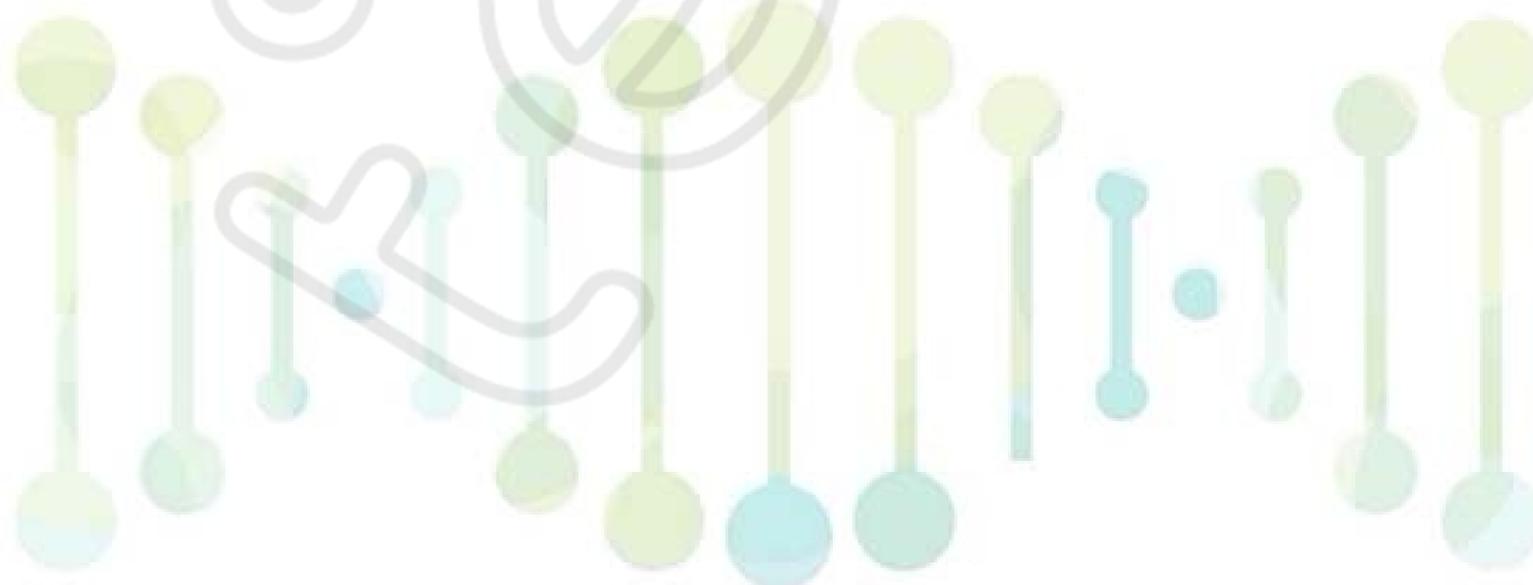
3. INTERPRETAÇÃO DOS RESULTADOS DA ANÁLISE DE SEQUENCIAMENTO DO MICROBIOMA VAGINAL - 16S + ITS:

Nosso corpo é um ecossistema que abriga trilhões de microrganismos vivos e essa convivência harmônica, nas quantidades adequadas, nos mantém saudáveis. O ecossistema da vagina é conhecido como microbioma vaginal, que em equilíbrio possibilita uma saúde íntima adequada.

3.1. ANÁLISE DETALHADA DAS BACTÉRIAS:

* Índice de Diversidade de Shannon: 3,43

Com o resultado do sequenciamento foi calculado o Índice de Diversidade de Shannon, que avalia a heterogeneidade da população bacteriana presente na microbiota vaginal. Até o momento não existem dados na literatura científica que determinam um valor de diversidade adequado para esta análise.



Nome do paciente:

Sexo do paciente:

Data de nascimento: 00/00/0000

Solicitante: Não informado

Unidade de análise: Inside Central

Tecnologia: Seq. de Nova Geração 16S + ITS

Material de coleta: Mucosa vaginal

Coleta realizada em: 00/00/0000

Amostra recebida em: 00/00/0000

Resultado liberado em: 00/00/0000

Protocolo: 00000000000000

REALIZADO POR
INSIDE DIAGNÓSTICO S.A.



Laudo - Microbioma Feminino

PERFIL DE DISTRIBUIÇÃO TAXONÔMICA:

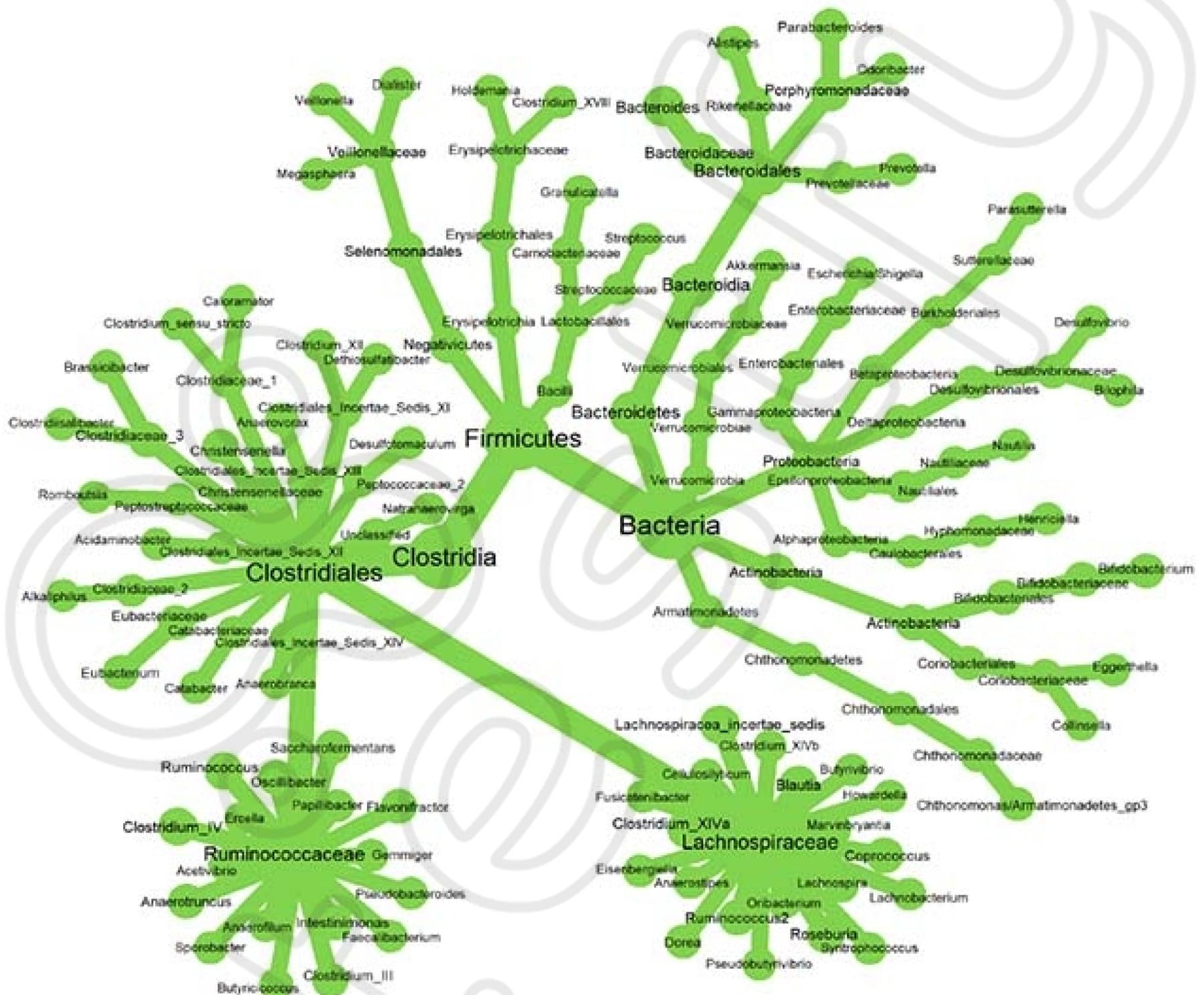


Gráfico do perfil de distribuição dos níveis taxonômicos (reino, filo, classe, ordem, família e gênero), na qual a espessura e o diâmetro de cada caule e nó no gráfico apresentam a proporção dos níveis taxonômicos em relação a representatividade total de bactérias sequenciadas.

Nome do paciente:

Sexo do paciente:

Data de nascimento: 00/00/0000

Solicitante: Não informado

Unidade de análise: Inside Central

Tecnologia: Seq. de Nova Geração 16S + ITS

Material de coleta: Mucosa vaginal

Coleta realizada em: 00/00/0000

Amostra recebida em: 00/00/0000

Resultado liberado em: 00/00/0000

Protocolo: 00000000000000

REALIZADO POR
INSIDE DIAGNÓSTICO S.A.

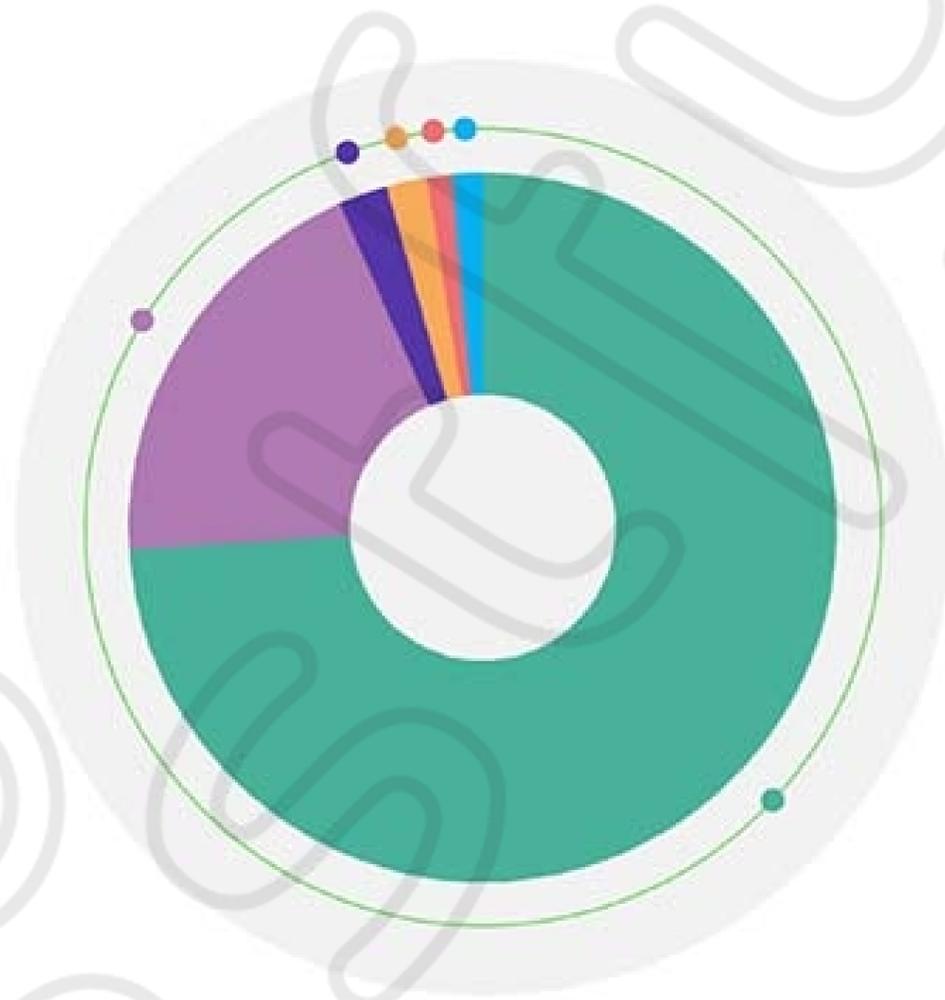


Laudo - Microbioma Feminino

PROPORÇÃO DOS FILOS:

O Sequenciamento do Microbioma Vaginal detectou a presença dos filios:

- Firmicutes (74,02 %)
- Bacteroidetes (19,33 %)
- Verrucomicrobia (2,27 %)
- Proteobacteria (1,85 %)
- Actinobacteria (1,13 %)
- Outros (1,40 %)



Os filios com representatividade abaixo de 1 % no Sequenciamento de Nova Geração com análise Metagenômica estão descritos no gráfico na categoria "outros".

Nome do paciente:

Sexo do paciente:

Data de nascimento: 00/00/0000

Solicitante: Não informado

Unidade de análise: Inside Central

Tecnologia: Seq. de Nova Geração 16S + ITS

Material de coleta: Mucosa vaginal

Coleta realizada em: 00/00/0000

Amostra recebida em: 00/00/0000

Resultado liberado em: 00/00/0000

Protocolo: 00000000000000

REALIZADO POR
INSIDE DIAGNÓSTICO S.A.

Laudo - Microbioma Feminino

GÊNEROS MAIS PREVALENTES IDENTIFICADOS, INDEPENDENTE DO FILO:

Microbiota	Porcentagem Identificada
Bacteroides	13,49 %
Lachnospiracea (<i>incertae sedis</i>)	11,55 %
Faecalibacterium	7,86 %
Ruminococcus	5,47 %
Coprococcus	4,55 %
Clostridium XIVa	4,17 %
Intestinimonas	2,84 %

ESPÉCIES MAIS PREVALENTES IDENTIFICADAS, INDEPENDENTE DO FILO:

Microbiota	Porcentagem identificada
<i>Eubacterium eligens</i>	10,33 %
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	7,86 %
<i>Bacteroides dorei</i>	7,31 %
<i>Coprococcus eutactus</i>	4,27 %
<i>Ruminococcus albus</i>	3,19 %
<i>Flintibacter butyricus</i>	2,66 %
<i>Gemmiger formicilis</i>	2,40 %
<i>Akkermansia muciniphila</i>	2,25 %
<i>Fusicatenibacter saccharivorans</i>	2,15 %
<i>Ruminococcus callidus</i>	2,09 %

Nome do paciente:

Sexo do paciente:

Data de nascimento: 00/00/0000

Solicitante: Não informado

Unidade de análise: Inside Central

Tecnologia: Seq. de Nova Geração 16S + ITS

Material de coleta: Mucosa vaginal

Coleta realizada em: 00/00/0000

Amostra recebida em: 00/00/0000

Resultado liberado em: 00/00/0000

Protocolo: 00000000000000

REALIZADO POR
INSIDE DIAGNÓSTICO S.A.

Laudo - Microbioma Feminino

ESPÉCIES MAIS RELEVANTES ENCONTRADAS EM CADA FILO:**FILO FIRMICUTES: 74,02 %**

O filo Firmicutes compreende 60 a 65 % da microbiota intestinal e, em sua maioria, bactérias Gram-positivas com paredes celulares contendo peptidoglicano. Entretanto esse filo inclui bactérias com diversas características que divergem deste padrão (PMID: 26269668).

*** Foi identificada a espécie *Eubacterium eligens*: 10,33 %**

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 (PMID: 27381339, 7782892).

FILO VERRUCOMICROBIA: 2,27 %

O filo Verrucomicrobia está presente em diversos habitats terrestres e aquáticos, além de ser encontrado microbiota de animais e na microbiota humana, com bactérias que contribuem para a degradação da mucina no intestino (PMID: 16704931).

*** Foi identificada a espécie *Akkermansia muciniphila*: 2,25 %**

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 (PMID: 15388697, 22437156). 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 (PMID: 30416539, 29018410).

Nome do paciente:

Sexo do paciente:

Data de nascimento: 00/00/0000

Solicitante: Não informado

Unidade de análise: Inside Central

Tecnologia: Seq. de Nova Geração 16S + ITS

Material de coleta: Mucosa vaginal

Coleta realizada em: 00/00/0000

Amostra recebida em: 00/00/0000

Resultado liberado em: 00/00/0000

Protocolo: 00000000000000

REALIZADO POR
INSIDE DIAGNÓSTICO S.A.

Laudo - Microbioma Feminino

3.2. ANÁLISE DETALHADA DOS FUNGOS:

A identificação de fungos do microbioma vaginal é uma pesquisa nova e ainda pouco aprofundada. A literatura científica descreve algumas espécies de fungos como potenciais residentes vaginais e outras como oportunistas ou causadoras de doenças (PMID: 27657355).



GÊNEROS IDENTIFICADOS:

Microbiota	Porcentagem Identificada
Bacteroides	13,49 %
Lachnospiracea (<i>incertae sedis</i>)	11,55 %
Faecalibacterium	7,86 %
Ruminococcus	5,47 %

ESPÉCIES IDENTIFICADAS:

Microbiota	Porcentagem identificada
<i>Candida albicans</i>	10,33 %
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	7,86 %
<i>Bacteroides dorei</i>	7,31 %
<i>Coprococcus eutactus</i>	4,27 %

festas

Todos os direitos reservados. Proibida a reprodução total ou parcial.