



ANÁLISE DE  
**MICROBIOMA  
INTESTINAL**

Sequenciamento de Nova Geração  
Bactérias + Fungos



## Detalhes da análise

A análise de Sequenciamento do Microbioma Intestinal 16S + ITS é uma poderosa ferramenta para a identificação da microbiota bacteriana e fúngica presente no seu intestino.

Com a tecnologia de Sequenciamento de Nova Geração (NGS - Next Generation Sequence), é possível realizar a detecção de microrganismos comuns e benignos que habitam o intestino e, ao mesmo tempo, mapear bactérias e fungos patogênicos causadores de doenças e de desequilíbrio da microbiota intestinal. Além disso, a análise de Sequenciamento do Microbioma Intestinal 16S + ITS permite avaliar as proporções populacionais dos microrganismos que habitam o intestino, revelando desequilíbrios que podem gerar desconfortos e alterações clínicas importantes.

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



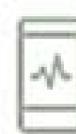
PREVINA  
DOENÇA



ENTENDA SEU  
ORGANISMO



PERSONALIZE SUA  
ALIMENTAÇÃO



OBTENHA DIAGNÓSTICOS  
MAIS PRECISOS



LAUDO DA ANÁLISE DE  
MICROBIOMA INTESTINAL

**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: Fezes

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 Intestinal

## 2. RESUMO DOS RESULTADOS DA SUA ANÁLISE:

### 2.1. COMPOSIÇÃO GERAL DA MICROBIOTA INTESTINAL:



#### 2.1.1. ANÁLISE DAS BACTÉRIAS – 98,8 %

\* **Diversidade da microbiota: Índice de diversidade adequado**

Esse parâmetro mede a diversidade de espécies de bactérias que a sua microbiota apresenta.

\* **Distribuição dos Filos: Padrão de desequilíbrio**

Este parâmetro mostra a proporção dos filios de bactérias da sua microbiota.

\* **Razão Firmicutes/Bacteroidetes: 3,83**

Estes são os filios de bactérias mais predominantes da microbiota intestinal, sendo que indivíduos saudáveis apresentam maior proporção de Firmicutes em relação aos Bacteroidetes, com valores que variam de aproximadamente 2,4 a 3,25.

\* **Bactéria anti-inflamatória *Akkermansia muciniphila*: Nível adequado**

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.

\* **Bactérias probióticas: Espécies *Lactobacillus rogosae*, *Bifidobacterium bifidum* e *Bifidobacterium longum***

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

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

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

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

As espécies patogênicas são bactérias 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: Fezes

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 Intestinal

## 2.1.2. ANÁLISE DOS FUNGOS – 1,2 %

### \* Fungos probióticos e/ou anti-inflamatórios: Ausente / Representatividade baixa

Os fungos probióticos e anti-inflamatórios conferem benefícios à sua saúde.

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

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

### \* 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: Fezes

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.



Louco - Microbioma Intestinal

### 3. INTERPRETAÇÃO DOS RESULTADOS DA ANÁLISE DE SEQUENCIAMENTO DO MICROBIOMA INTESTINAL - 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 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, as suas funções metabólicas e humorais e a sua defesa contra doenças oportunistas.

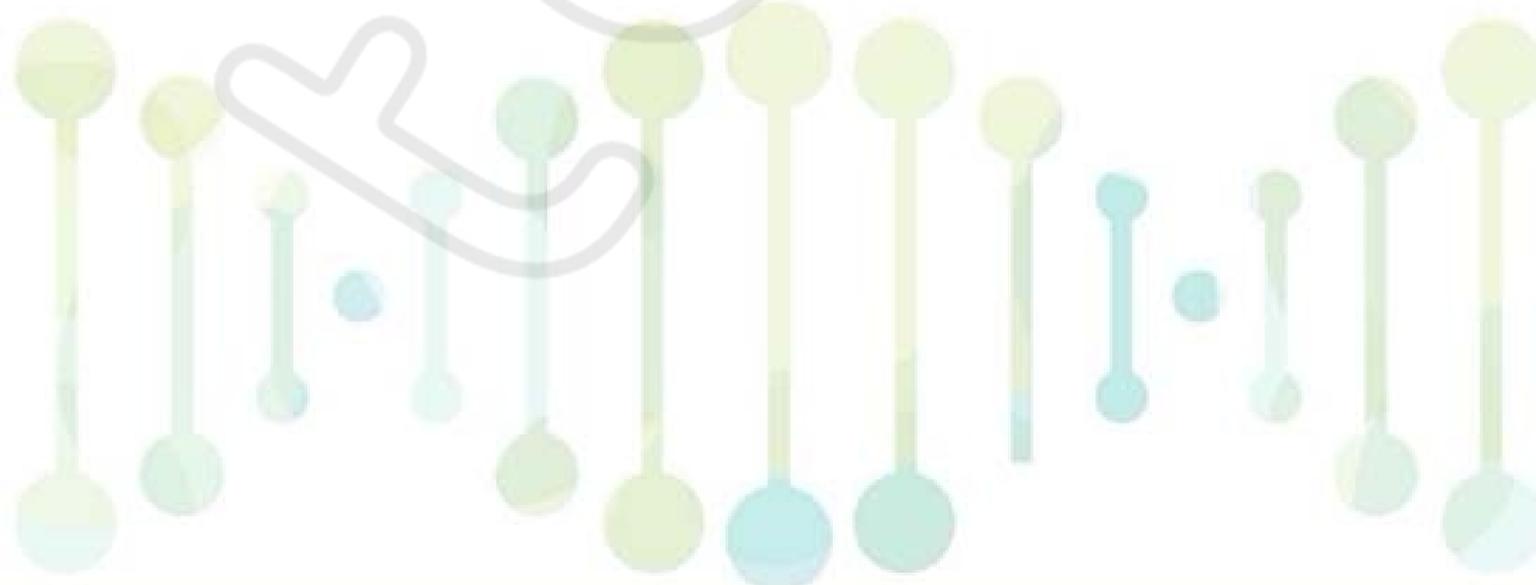
#### 3.1. ANÁLISE DETALHADA DAS BACTÉRIAS:

\* 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 intestinal.

Baseado nas informações arquivadas no banco de dados interno do laboratório, o Índice de Shannon adequado de uma microbiota intestinal varia de 2,50 a 4,00, sendo que a literatura científica relata uma variação de 1,70 a 4,8, considerando dados publicados da população brasileira (PMID: 33668457, 33813071, 31555238).



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: Fezes

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.



Louco - Microbioma Intestinal

\* Índice de Saúde da Microbiota Intestinal (GMHI): -2,30

Com o resultado do sequenciamento metagenômico foi calculado o Índice de Saúde da Microbiota Intestinal (do inglês, *Gut Microbiome Health Index – GMHI*), que a partir de cálculos bioestatísticos compara a amostra com bancos de dados multiétnicos a partir de índices de diversidade de indivíduos saudáveis e de indivíduos com condições clínicas específicas, quando aplicável (PMID: 32934239).

De acordo com a literatura científica, o GMHI de uma microbiota saudável geralmente apresenta valores positivos e o GMHI de uma microbiota alterada apresenta valores negativos (PMID: 32934239).

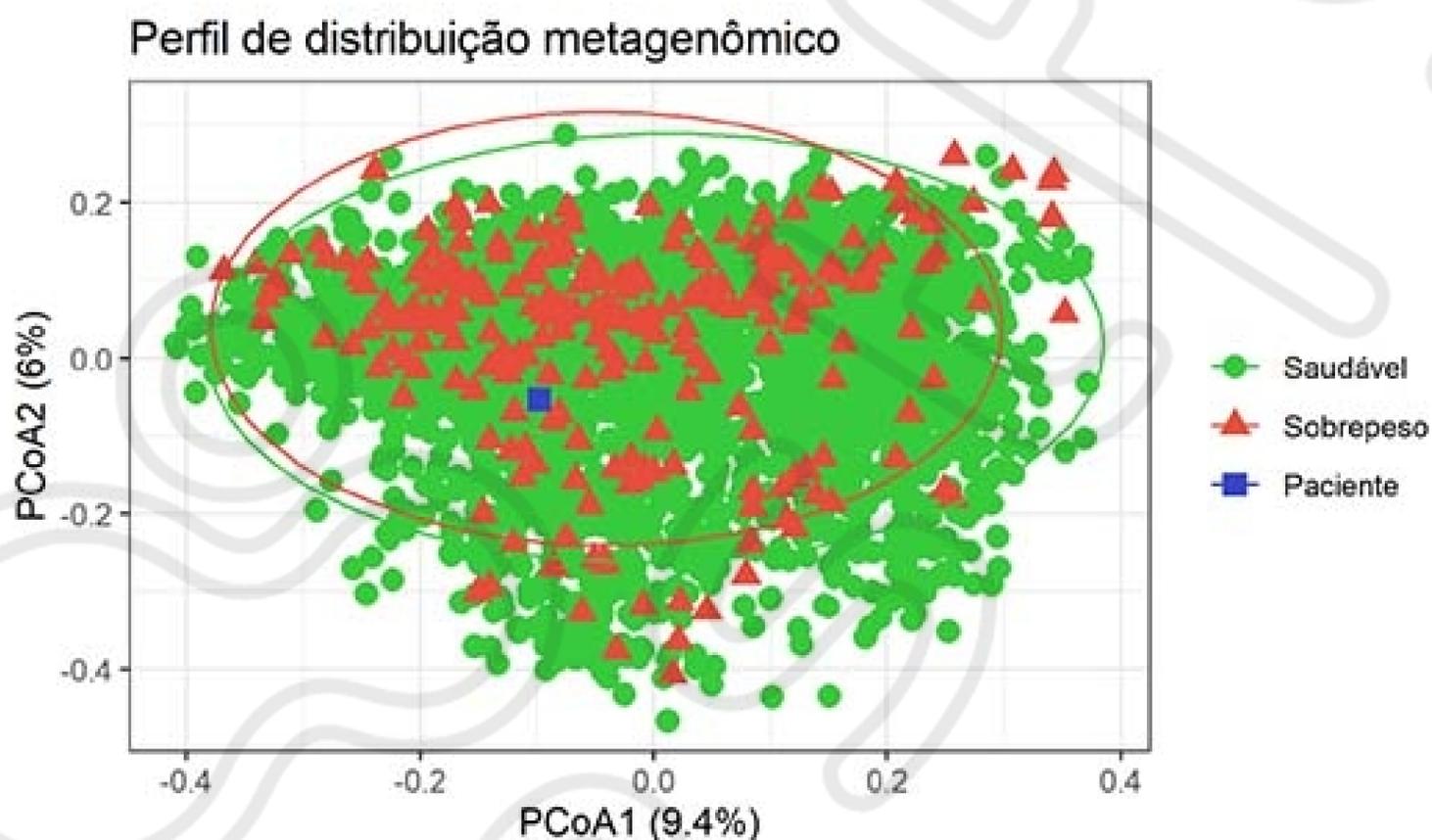


Gráfico do perfil de distribuição metagenômico com coordenadas estatísticas de indivíduos saudáveis (em verde) e, em alguns casos indicados, de indivíduos com condições clínicas específicas (em vermelho) e a amostra do paciente (em azul).

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: Fezes

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 Intestinal

## PERFIL DE DISTRIBUIÇÃO TAXONÔMICA:

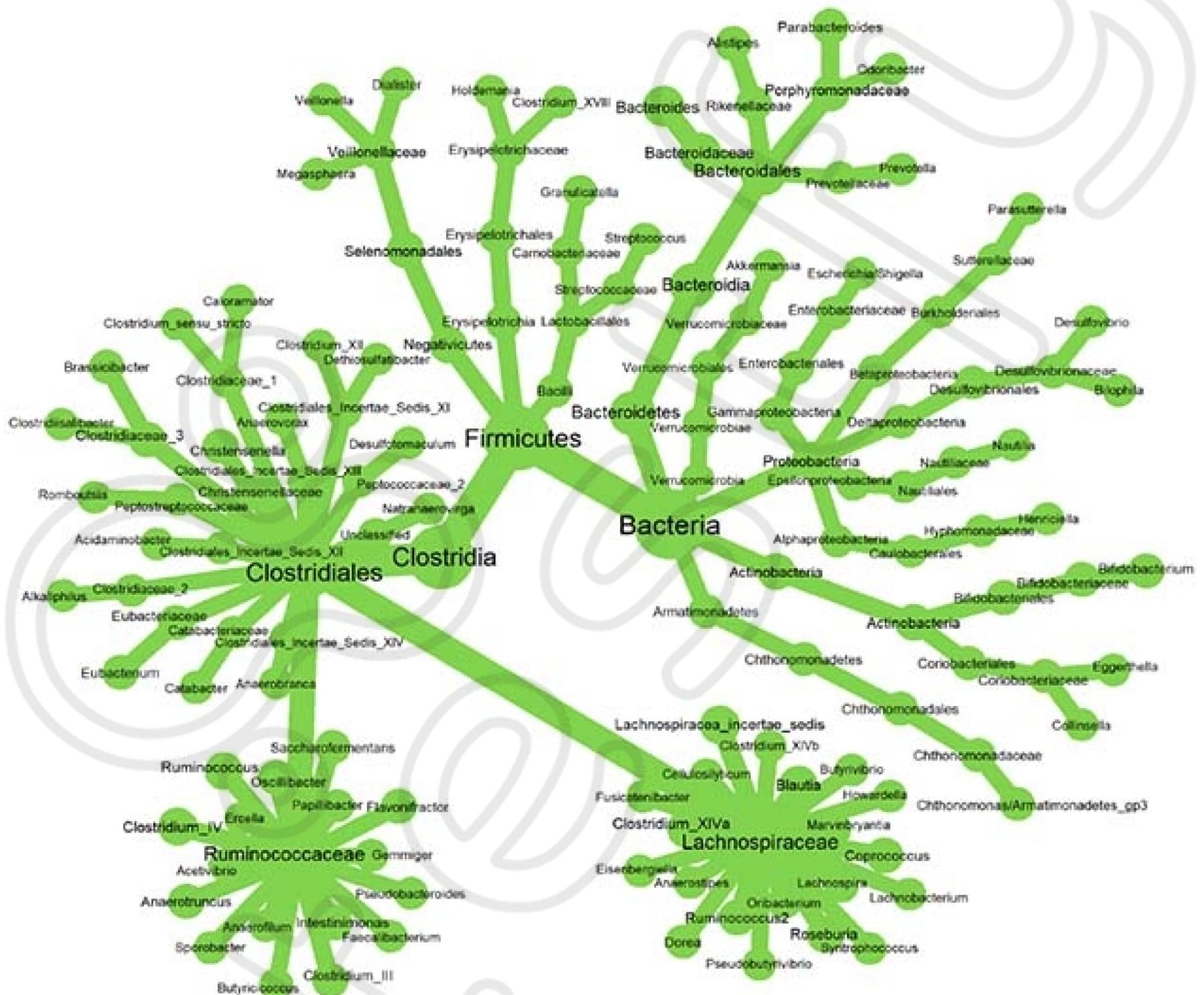


Gráfico do perfil de distribuição dos níveis taxonômicos (reino, filo, classe, ordem, família e gênero), na qual a espessura e o diâmetro de cada caule e nó no gráfico apresentam a proporção dos níveis taxonômicos em relação a representatividade total de bactérias sequenciadas.

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: Fezes

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.

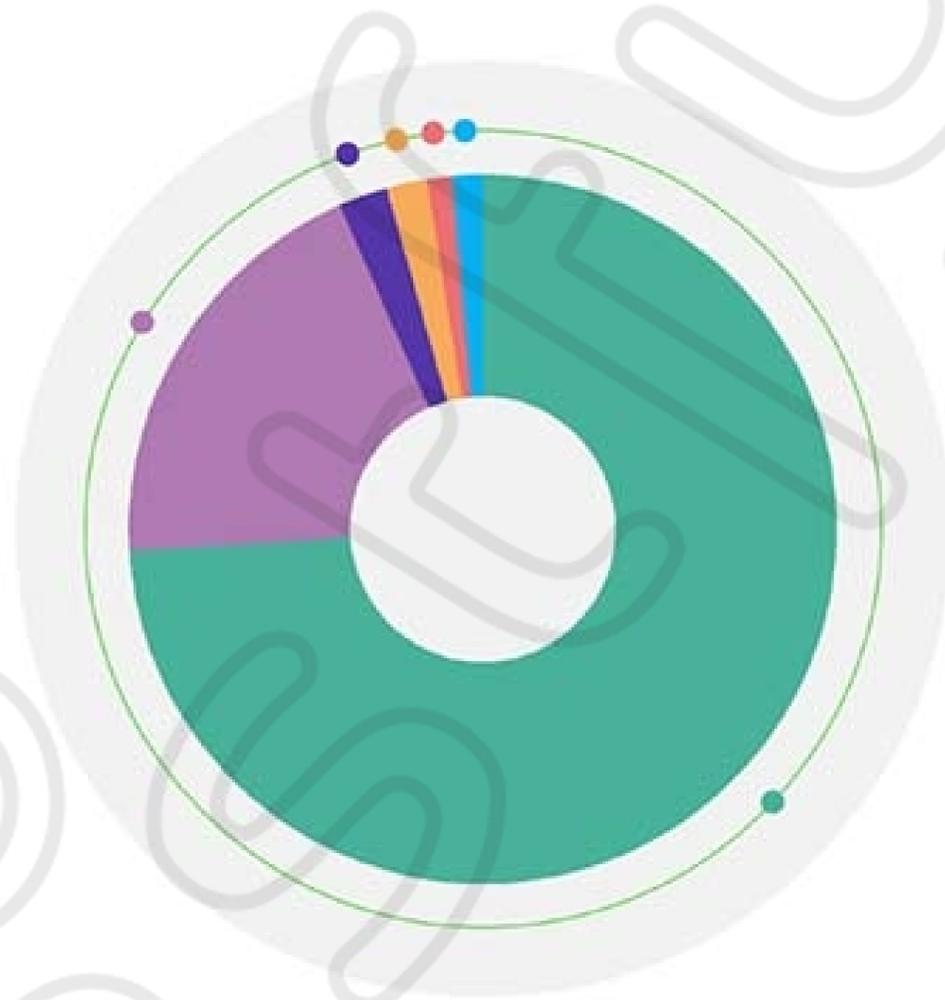


Laudo - Microbioma Intestinal

## PROPORÇÃO DOS FILOS:

O Sequenciamento do Microbioma Intestinal 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".

● **\* Razão Firmicutes/Bacteroidetes: 3,83 (valor de referência: ~ 2,4 a 3,25).**

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 variando entre 2,4 e 3,25, sendo que esses filios somam aproximadamente 90 % da microbiota total (PMID: 22699609, 26257300).

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: Fezes

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 Intestinal

## 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: Fezes

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.



Louco - Microbioma Intestinal

## 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).

#### \* Foi identificada a espécie *Faecalibacterium prausnitzii*: 7,86 %

A *Faecalibacterium prausnitzii* é uma bactéria Gram-variável, anaeróbia obrigatória e não formadora de esporos, presente na microbiota intestinal de indivíduos saudáveis em uma proporção habitual que varia de 5 a 15 % (PMID: 20203603, 30547746, 24861948, 23831042, 21508958). Essa 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 (PMID: 23831042). Por este motivo a *F. prausnitzii* é considerada um importante biomarcador para um sistema gastrointestinal saudável, sendo uma das principais bactérias produtoras de butirato no intestino humano, principal fonte de energia para os colonócitos e com propriedades protetoras contra câncer colorretal e doença inflamatória intestinal (PMID: 28045459). A diminuição da abundância dessa bactéria está associada a disbiose e já foi identificado que a suplementação com epigallocatequina-3-galato e resveratrol diminuem a abundância, enquanto a suplementação com isoflavona e a ingestão de alguns tipos de ácidos graxos, como os monossaturados, auxilia no aumento da abundância de *F. prausnitzii* (PMID: 31336737). Além disso, uma metanálise avaliou os resultados de 16 estudos que analisaram a microbiota intestinal de um total de 1669 indivíduos saudáveis, com doença de Crohn ou com colite ulcerativa e observou uma significativa redução na abundância de *F. prausnitzii* em pacientes com doença inflamatória intestinal, sendo que essa redução foi mais acentuada nos pacientes com doença ativa (PMID: 32815163).

#### \* Foi identificada a espécie *Coprococcus eutactus*: 4,27 %

A *Coprococcus eutactus* pertence a um grupo caracterizado por sua habilidade em produzir butirato (PMID: 19222573). O butirato é relatado como um metabólito saudável, uma vez que pode induzir a diferenciação de células T regulatórias e tem função anti-inflamatória (PMID: 24838170, 26122782). Um estudo demonstrou que bactérias intimamente relacionadas com *C. eutactus* são mais abundantes em pessoas saudáveis do que em pessoas com síndrome do intestino irritável (PMID: 20705664).

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: Fezes

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.



Louco - Microbioma Intestinal

### 3.2. ANÁLISE DETALHADA DOS FUNGOS:

O microbioma intestinal saudável abriga uma abundância fúngica extremamente baixa devido à incapacidade dos fungos de crescerem em determinadas condições, sendo que a literatura científica descreve que a presença dos fungos na microbiota pode ser explicada pela influência da dieta e microbiota oral. Porém, em alguns casos, uma grande diversidade de fungos pode ser detectada no trato gastrointestinal humano com o potencial para influenciar na saúde do indivíduo, podendo ser um indicativo de doença (PMID: 29600282).



### GÊNEROS IDENTIFICADOS:

Microbiota	Porcentagem Identificada
Bacteroides	13,49 %
Lachnospiraceae ( <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 %

