

Cliente:	Nome Nome Nome
Nascimento:	00/00/0000
Solicitante:	Dr. Nome Nome Nome CRM 0000
Protocolo:	000000000000
Material:	Swab de fezes em solução estabilizante (NeoSample-Z)
Teste:	Probiome - Microbioma intestinal
Método:	Sequenciamento de DNA de alto desempenho da região V3/V4 do gene 16S rRNA
Unidade de medida:	Número sequências de DNA
Equipamento:	MiSeq Sequencing System - Illumina
Coleta realizada em:	00/00/0000
Amostra recebida em:	00/00/0000
Resultado liberado em:	00/00/0000 (Dr. Nome Nome Nome CRBio 000000)

De acordo com dados fornecidos pelo paciente e profissional solicitante, o paciente apresenta os seguintes sintomas e condições:

- IMC: 00,00 (índice que denomina a condição de obesidade grau I, segundo a OMS).¹
- Sensibilidade abdominal.
- Distensão abdominal.
- Flatulência.
- Constipação.
- Síndrome do Intestino Irritável (diagnóstico em 00/00/0000).

De acordo com dados fornecidos, o paciente:

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

O motivo da solicitação do Microbioma Intestinal reportado foi: apoio diagnóstico para DISBIOSE INTESTINAL.

Resultado:

Os resultados obtidos por meio do Microbioma Intestinal demonstram que:

- As espécies bacterianas identificadas e suas proporções são constituintes da microbiota intestinal humana habitual. No entanto, alguns resultados sugerem que seja realizado um acompanhamento mais extensivo da microbiota intestinal.
- Proporção de Firmicutes: 39,39%.
- Proporção de Bacteroidetes: 33,28%.
- Razão Bacteroidetes/Firmicutes: 1,18.
 - * O microbioma humano de indivíduos saudáveis apresenta maior proporção de bactérias pertencentes aos filos Bacteroidetes e Firmicutes.²
- Considerando a proporção de bactérias do filo Bacteroidetes na presente análise, há uma prevalência de espécies do gênero *Bacteroides*.
 - * Na microbiota habitual bactérias do gênero *Bacteroides* são frequentemente encontradas e abundantes. O predomínio de espécies desse gênero está associado a uma dieta rica em produtos de origem animal.^{3,4,5}
- Foi identificada a presença de *Bacteroides vulgatus* (18,65%) como a espécie mais abundante (filo Bacteroidetes).
 - * *B. vulgatus* é uma bactéria comensal da microbiota intestinal, mas pode ser considerado um patógeno oportunista ocasional devido a capacidade de se ligar e invadir células epiteliais do intestino e de induzir a produção de citocinas pró-inflamatórias.⁶
 - * Estudos científicos em modelos animais com encefalomielite, demonstram um aumento da proporção de bactéria *B. vulgatus* na microbiota intestinal desses animais.⁷
- Destaca-se a presença de *Akkermansia muciniphila* (filo Verrucomicrobia), como a segunda espécie bacteriana mais prevalente da microbiota intestinal (6,65%).
 - * *A. muciniphila* está associado a dietas ricas em prebióticos e com baixa ingestão de ácidos graxos saturados, atuando como fator de proteção em relação a diversos distúrbios metabólicos.⁸
- A proporção do filo bacteriano Proteobacteria foi de 6,48%. Na presente análise, o filo Proteobacteria foi representado em sua totalidade pela espécie *Escherichia coli*.
 - * Sob um estado clínico saudável ou assintomático, o aumento da proporção do filo Proteobacteria no intestino humano pode ser uma resposta transitória a alterações de fatores externos, como a dieta e intervenções. Entretanto, um aumento crônico do filo Proteobacteria é indicativo de uma comunidade microbiana instável (disbiose). Assim, é recomendado um monitoramento mais extensivo da microbiota intestinal para avaliar a proporção do filo Proteobacteria.⁹

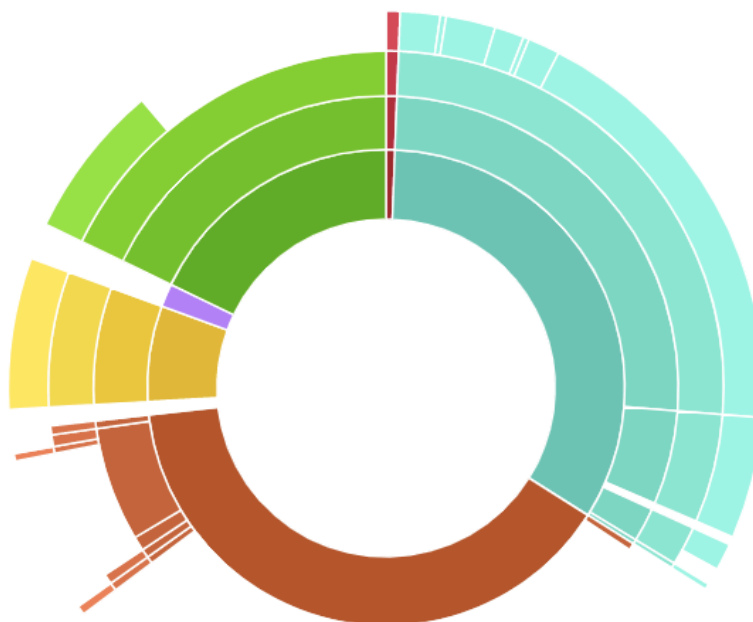
- Foi identificada a presença de *Barnesiella intestinihominis* (filo Bacteroidetes) na proporção de 5,20% em relação as demais bactérias.
 - * *A. B. Intestinihominis* é uma bactéria comensal que induz a proliferação de células Th1 que participam da resposta efetora contra patógenos. Alguns estudos tem demonstrado o efeito antitumoral dessa bactéria ao melhorar a eficácia de algumas terapias imunomoduladoras.¹⁶
- Foi identificada a presença do filo Actinobacteria na proporção de 0,60%. Na presente análise, o filo Actinobacteria foi representado em sua totalidade pela espécie *Bifidobacterium adolescentes*.
 - * O filo Actinobacteria, embora represente apenas uma pequena porcentagem da microbiota intestinal total, possui espécies bacterianas essenciais na manutenção da homeostase intestinal, especialmente o gênero *Bifidobacterium*, amplamente utilizado como probiótico devido a sua atividade anti-inflamatória.^{17,18}
- Foi identificada a presença de *Faecalibacterium prausnitzii* (filo Firmicutes) em baixa proporção (0,32%).
 - * A abundância relativa de *F. prausnitzii* é utilizada como um indicador da manutenção do equilíbrio da microbiota intestinal em adultos, constituindo-se em um fator de proteção em relação aos diversos distúrbios gastrointestinais devido ao seu efeito anti-inflamatório.¹⁹
- Não foi identificada a presença do gênero *Lactobacillus*.
 - * O gênero supracitado possui espécies bacterianas comumente utilizadas como probióticos.¹⁸
- Foi identificado o filo Synergistetes (1,57%), entretanto, não foi possível a classificação em outro nível taxonômico.
 - * Não há relatos consistentes na literatura científica a respeito da presença desse filo como componente da microbiota intestinal humana e sua relação com condições específicas.

Referências:

1. 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.
2. The Human Microbiome Project Consortium. Structure, Function and Diversity of the Healthy Human Microbiome. Nature 486(7402):207-14, 2012.
3. Hentges DJ, Maier BR, Burton GC, Flynn MA, Tsutakawa RK. Effect of a high-beef diet on the fecal bacterial flora of humans. Cancer Res. (1977) 37:568-71.
4. Wu GD, Chen J, Hoffmann C, Bittinger K, Chen Y, Keilbaugh SA, Bewtra M, Knights D, Walters WA, Knight R, et al. Linking long-term dietary patterns with gut microbial enterotypes. Science 334, 105-108, 2011.
5. De Filippis F, Pasolli E, Tett A, Tarallo S, Naccarati A, De Angelis M, et al. Distinct Genetic and Functional Traits of Human Intestinal Prevotella copri Strains Are Associated with Different Habitual Diets. Cell Host Microbe 25(3):444-453.e3, 2019.
6. Cuív PÓ, Klaassens ES, Durkin AS, Harkins DM, Foster L, McCorison J, Torralba M, Nelson KE, Morrison M. Draft genome sequence of *Bacteroides vulgatus* PC510, a strain isolated from human feces. J Bacteriol.193(15):4025-6, 2011.

7. Yadav SK, Boppana S, Ito N, Mindur JE, Mathay MT, Patel A, Dhib-Jalbut S, Ito K. Gut dysbiosis breaks immunological tolerance toward the central nervous system during young adulthood. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 31;114(44):E9318-E9327, 2017.
8. Cani PD, Vos WM De. Next-Generation Beneficial Microbes: The Case of *Akkermansia muciniphila*. *Front Microbiol* 8:1-8, 2017.
9. Shin, NR, Whon, TW, Bae, JW. Proteobacteria: microbial signature of dysbiosis in gut microbiota. *Trends in Biotechnology*, 33(9), 496-503, 2015.
10. Palmela C, Chevarin C, Xu Z, Torres J, Sevrin G, Hirten R, et al. Adherent-invasive *Escherichia coli* in inflammatory bowel disease. *Gut* 67(3):574-587, 2018.
11. Goebel, A., et.al. Altered intestinal permeability in patients with primary fibromyalgia and in patients with complex regional pain syndrome. *Rheumatology*, 47(8):1223-7, 2008.
12. Wallace, D.J., Halegua, D.S. Fibromyalgia: the gastrointestinal link. *Curr Pain Headache Rep.* 8(5), 364:8,2004.
13. Pimentel, et.al. Small Intestinal Bacterial Overgrowth: A Possible Association with Fibromyalgia. *Journal of Musculoskeletal Pain* 9(3), 2011.
14. Goshal, U.C. et.al. Breath tests in the diagnosis of small intestinal bacterial overgrowth in patients with irritable bowel syndrome in comparison with quantitative upper gut aspirate culture. *Euro J Gastroenterology Hepatol* 26(7):753-60, 2014.
15. Pyleris, E.et.al. The prevalence of overgrowth by aerobic bacteria in the small intestine by small bowel culture: relationship with irritable bowel syndrome. *Dig Dis Sci*, 57(5):1321-9, 2012.
16. Daille`re, et.al. *Enterococcus hirae* and *Barnesiella intestinihominis* Facilitate Cyclophosphamide-Induced Therapeutic Immunomodulatory Effects. *Cell*, 45, 931-943, 2016.
17. Binda C, Lopetuso LR, Rizzatti G, Gibiino G, Cennamo V, Gasbarrini A. Actinobacteria: A relevant minority for the maintenance of gut homeostasis. *Dig Liver. Dis.*;50(5):421-428, 2018.
18. Cukrowska B, Sowińska A, Bierła JB, Czarnowska E, Rybak A, Grzybowska-Chlebowczyk U. Intestinal epithelium, intraepithelial lymphocytes and the gut microbiota - Key players in the pathogenesis of celiac disease. *World J Gastroenterol* 23(42):7505-18, 2017.
19. 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* 16(3):255-61, 2013.
20. Yadav SK, Boppana S, Ito N, Mindur JE, Mathay MT, Patel A, Dhib-Jalbut S, Ito K. Gut dysbiosis breaks immunological tolerance toward the central nervous system during young adulthood. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 31;114(44):E9318-E9327, 2017.

Gráfico taxonômico do resultado:



Percentual da classificação taxonômica:

Filo 99,10% > Família 66,90% > Gênero 60,20% > Espécie 46,70%

Legenda:



Firmicutes	39,39%
<i>Eubacterium eligens</i>	0,40%
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	0,32%

Bacteroidetes	33,28%
<i>Bacteroides vulgatus</i>	18,65%
<i>Barnesiella intestinhominis</i>	5,20%
<i>Bacteroides dorei</i>	2,12%
<i>Bacteroides caccae</i>	1,70%
<i>Bacteroides uniformis</i>	1,37%

Verrucomicrobia	17,81%
<i>Akkermansia muciniphila</i>	6,65%

Proteobacteria	6,48%
<i>Escherichia coli</i>	6,48%

Synergistetes	1,57%
Não identificado	-

Lista de filós:

Firmicutes	39,39%
Bacteroidetes	33,28%
Verrucomicrobia	17,81%
Proteobacteria	6,48%
Synergistetes	1,57%
Actinobacteria	0,60%
Não identificado	0,88%

Lista de espécies:

<i>Bacteroides vulgatus</i>	18,65%	<i>Alistipes putredinis</i>	1,17%
<i>Akkermansia muciniphila</i>	6,65%	<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0,60%
<i>Escherichia coli</i>	6,48%	<i>Eubacterium eligens</i>	0,40%
<i>Barnesiella intestinihominis</i>	5,20%	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	0,32%
<i>Bacteroides dorei</i>	2,12%	<i>Bacteroides clarus</i>	0,25%
<i>Bacteroides caccae</i>	1,70%	<i>Bacteroides nordii</i>	0,25%
<i>Bacteroides uniformis</i>	1,37%	<i>Parabacteroides merdae</i>	0,25%
<i>Bacteroides eggertii</i>	1,26%	Não identificado	53,34%

Valores de referência:

O microbioma intestinal humano de indivíduos saudáveis apresenta maior proporção de bactérias pertencentes aos filós Bacteroidetes e Firmicutes.

O filo Proteobacteria é identificado com frequência em indivíduos saudáveis, porém em menor proporção.

Os filós Firmicutes, Actinobacteria e Verrucomicrobia são identificados em menor frequência e em proporções mínimas em indivíduos saudáveis.

Referência:

The Human Microbiome Project Consortium. Structure, Function and Diversity of the Healthy Human Microbiome. Nature 486(740 2):207-14, 2012.

Observações:

O Probiome 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.

O Probiome identifica os microrganismos 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 microrganismos do trato intestinal humano.