



# TRIGGER: ANÁLISE DO MICROBIOMA



# RELATÓRIO DE ANÁLISE - MICROBIOMA

<b>NOME:</b>	Nome do Paciente
<b>PROTOCOLO:</b>	BK19000601
<b>DATA DE NASCIMENTO:</b>	01/01/2000
<b>DATA DA COLETA:</b>	05/09/2019
<b>ORIGEM DA COLETA:</b>	Coleta externa
<b>MATERIAL COLETADO:</b>	FZ Oragene OMR-200
<b>SITUAÇÃO DA AMOSTRA:</b>	Aceita sem restrição
<b>EMIÇÃO DO LAUDO:</b>	05/09/2019
<b>RESPONSÁVEL TÉCNICA:</b>	Lia Kubelka de Carlos Back, PharmD, Msc, PhD.

## **TECNOLOGIA:**

Análise do Microbioma através da tecnologia de sequenciamento (NGS) por shotgun, seguido de análise de Bioinformática através das plataformas OneCodex e Genius (Cosmos ID). Através da tecnologia utilizada pela Biogenetika é possível sequenciar o genoma de todos os microrganismos presentes na amostra analisada e identificar com precisão os organismos, identificando espécies em nível de cepas.

## **CONSIDERAÇÕES:**

A presente análise não pode ser considerada um teste diagnóstico. É uma ferramenta de auxílio aos profissionais da saúde, possibilitando um atendimento individualizado de acordo com as necessidades específicas de cada indivíduo.



## O QUE É O MICROBIOMA?

O Microbioma (Metagenoma) é o conjunto de genomas dos microrganismos presentes no corpo. São microrganismos essenciais para o desempenho de funções vitais, como digestão de alimentos, metabolização de medicamentos, modulação do sistema imunológico, produção de hormônios, entre outras. Através da análise do Microbioma, o Trigger, é possível saber a composição exata de microrganismos presentes na amostra analisada. Este conhecimento é uma importante ferramenta para delinear melhor uma dieta adequada, prevenir doenças e equilibrar o organismo.

Os microrganismos são mais abundantes no corpo humano do que as próprias células humanas. Existem de 2 a 20 milhões de genes microbianos no organismo humano, assim chamado o Microbioma ou metagenoma que influencia na expressão gênica do hospedeiro, assim como no seu metabolismo, sendo de importância fundamental para o bom funcionamento e equilíbrio do corpo.



## O SEU MICROBIOMA (METAGENOMA) TAXA DE DIVERSIDADE

Taxa de diversidade encontrada na presente análise, de acordo com o Índice de Shannon (valores de 1,5 a 3,0 indicam uma boa diversidade e valores acima de 3 indicam uma alta diversidade):

3,3

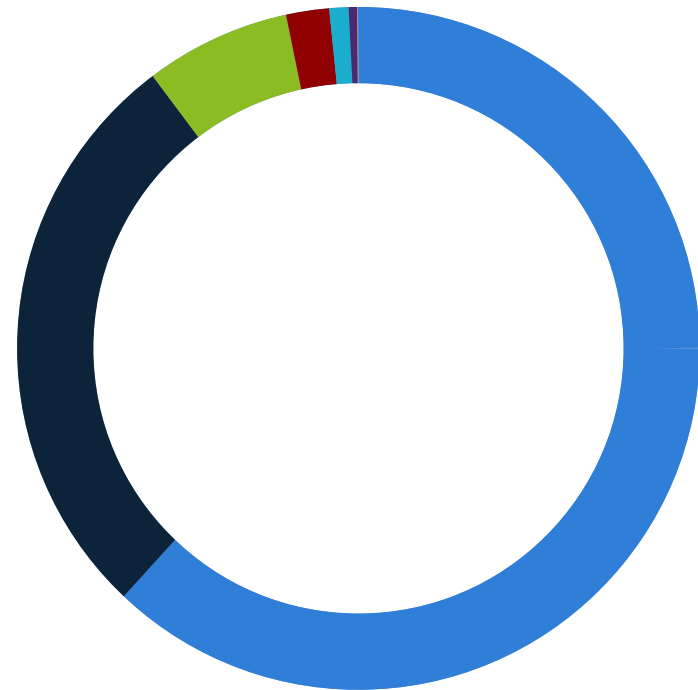
De acordo com a literatura, a presente taxa representa uma **alta diversidade** da microbiota na amostra analisada.

A diversidade da microbiota é considerada um dos principais aspectos relacionados a um microbioma saudável. Uma alta taxa de variabilidade é positiva em relação aos aspectos gerais de saúde.



## ABUNDÂNCIA DE FILOS NA AMOSTRA ANALISADA

- Firmicutes
- Bacteroidetes
- Verrucomicrobia
- Proteobacteria
- Actinobacteria
- Candidatus Melainabacteria
- Tenericutes
- Fusobacteria





## ABUNDÂNCIA DE FILOS NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Firmicutes	62,11
Bacteroidetes	27,59
Verrucomicrobia	6,88
Proteobacteria	2,09
Actinobacteria	0,92
Candidatus Melainabacteria	0,37
Tenericutes	0,03



## ABUNDÂNCIA DE FILOS NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Fusobacteria	0,01



## RELAÇÃO ENTRE OS FILOS FIRMICUTES E BACTEROIDETES NA AMOSTRA ANALISADA

A relação entre a abundância dos filos Firmicutes e Bacteroidetes possui aspectos clínicos relevantes relacionados a dieta e algumas características individuais.

**Na presente amostra há uma significativa predominância de microrganismos do filo Firmicutes.**

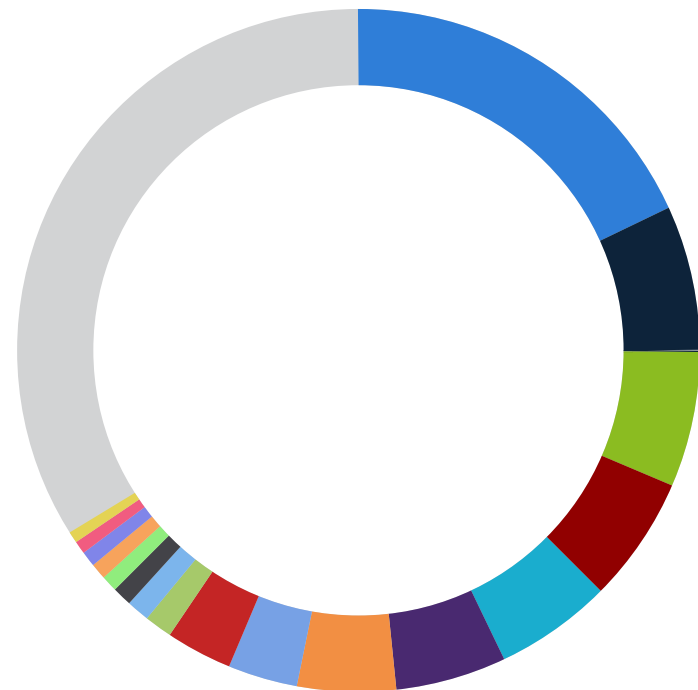
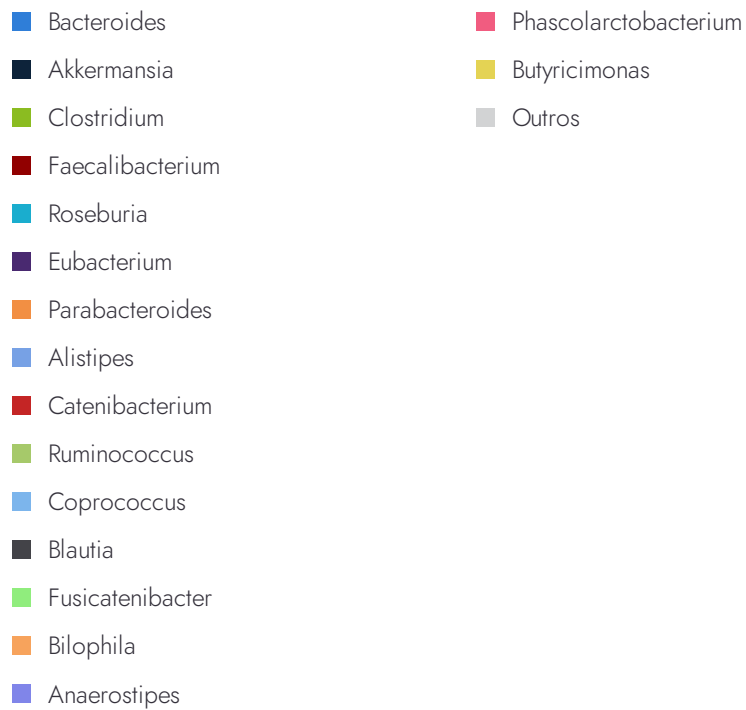
Estudos relatam que uma alta abundância de Firmicutes em relação aos Bacteroidetes está associada a um aumento de IMC, aumento de doenças inflamatórias e autismo.

Apesar dessas condições associadas, o filo Firmicutes apresenta diversas bactérias benéficas, inclusive produtoras de butirato, substância de extrema importância para o organismo humano. É interessante que o seu percentual seja equilibrado.





# ABUNDÂNCIA DE GÊNEROS NA AMOSTRA ANALISADA





## ABUNDÂNCIA DE GÊNEROS NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Bacteroides	18,19
Akkermansia	6,88
Clostridium	6,42
Faecalibacterium	5,95
Roseburia	5,56
Eubacterium	5,21
Parabacteroides	4,65



## ABUNDÂNCIA DE GÊNEROS NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Alistipes	3,31
Catenibacterium	3,14
Ruminococcus	1,29
Coprococcus	1,13
Blautia	0,94
Fusicatenibacter	0,77
Bilophila	0,76



## ABUNDÂNCIA DE GÊNEROS NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Anaerostipes	0,72
Phascolarctobacterium	0,59
Butyricimonas	0,51

\*Gêneros com abundância menor que 0,5% não estão listados.



## PRINCIPAIS GÊNEROS DETECTADOS NA AMOSTRA ANALISADA

**Gênero Bacteroides:** Gênero de bactérias composto por diversas espécies "core" do microbioma. São bactérias simbiotes e que em quantidades equilibradas são positivas para o organismo humano. O predomínio de bacteroides na amostra analisada, pode indicar uma dieta com maior conteúdo de gorduras e proteínas de origem animal. Para diminuição do IMC, há um benefício se forem priorizados alimentos de origem vegetal, ricos em fibras.

**Gênero Akkermansia:** Bactérias simbiotes benéficas ao metabolismo humano que estão associadas à proteção contra a resistência a insulina.

**Gênero Clostridium:** Apesar deste gênero possuir alguns patógenos como o Clostridium difficile, muitas espécies são simbiotes associadas a produção de butirato, metabólito derivado da microbiota e de extrema importância para o organismo humano.

**Gênero Faecalibacterium:** Faecalibacterium é um gênero de bactérias em que, a única espécie conhecida, Faecalibacterium prausnitzii, é uma das bactérias comensais mais abundantes e importantes da microbiota intestinal humana. Estas bactérias



## PRINCIPAIS GÊNEROS DETECTADOS NA AMOSTRA ANALISADA

produzem butirato e outros ácidos graxos de cadeia curta através da fermentação da fibra alimentar.



# ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES NA AMOSTRA ANALISADA





## ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES NA AMOSTRA ANALISADA

ALTA ABUNDÂNCIA (MAIOR QUE 25%):

- A amostra analisada não apresenta espécies com dominantes de alta abundância.

MÉDIA ABUNDÂNCIA (5-25%):

Akkermansia muciniphila, Faecalibacterium prausnitzii.

BAIXA ABUNDÂNCIA (0,5-5%):

Bacteroides vulgatus, Firmicutes bacterium CAG:65, Parabacteroides distasonis, Firmicutes bacterium CAG:124, Bacteroides ovatus, Clostridium sp. CAG:138, Firmicutes bacterium CAG:65\_45\_313, Bacteroides dorei e outras.





## ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Akkermansia muciniphila	6,88
Faecalibacterium prausnitzii	5,88
Bacteroides vulgatus	4,56
Firmicutes bacterium CAG:65	4,48
Parabacteroides distasonis	4,24
Firmicutes bacterium CAG:124	4,23
Bacteroides ovatus	4,03



## ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Clostridium sp. CAG:138	3,64
Firmicutes bacterium CAG:65_45_313	3,48
Bacteroides dorei	3,46
Catenibacterium mitsuokai	3,14
Bacteroides intestinalis	2,84
Erysipelotrichaceae bacterium 6_1_45	2,35
Roseburia intestinalis	1,84



## ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Firmicutes bacterium CAG:103	1,82
Clostridium sp. CAG:269	1,67
Eubacterium sp. CAG:115	1,63
Roseburia faecis	1,59
Eubacterium sp. CAG:202	1,26
Alistipes onderdonkii	1,24
Roseburia inulinivorans CAG:15	1,22



## ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Ruminococcus bicirculans	1,12
Firmicutes bacterium AF36-19BH	0,97
Ruminococcaceae bacterium UBA3269	0,95
Alistipes shahii	0,95
Eubacterium eligens CAG:72	0,90
Firmicutes bacterium TM09-10	0,89
Ruminococcaceae bacterium TF06-43	0,81



## ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Fusicatenibacter saccharivorans	0,77
Bilophila wadsworthia	0,76
Anaerostipes hadrus	0,72
Coprococcus eutactus	0,71
Bacteroides ovatus CAG:22	0,69
Firmicutes bacterium CAG:137_57_8	0,65
Firmicutes bacterium AF36-3BH	0,64



## ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES NA AMOSTRA ANALISADA

Nome	Abundância (%)
Roseburia hominis	0,61
Phascolarctobacterium faecium	0,59
Firmicutes bacterium CAG:114	0,54
Alistipes finegoldii	0,53
Proteobacteria bacterium CAG:139	0,51
[Eubacterium] eligens	0,51
Firmicutes bacterium AM55-24TS	0,51

\*Espécies com abundância menor que 0,5% não estão listadas.



## PRESENÇA DAS PRINCIPAIS BACTÉRIAS NA AMOSTRA ANALISADA

**Akkermansia muciniphila:** Bactéria simbiote e extremamente benéfica ao metabolismo humano. Está associada à proteção contra a resistência a insulina e obesidade. **Na amostra analisada foi detectada em abundância aumentada.\***

**Faecalibacterium prausnitzii:** Bactéria considerada "core" do microbioma. Possui efeito simbiótico benéfico pois está associada à proteção em relação a diversas alterações gastrointestinais e inflamatórias (comensal anti-inflamatória). Produtora de butirato, metabólito essencial produzido por espécies da microbiota e fundamental para o organismo humano. O ideal é que seja detectada em abundância maior que 5%. **Na amostra analisada foi detectada em abundância normal.\***

**Bacteroides vulgatus:** Bactéria considerada "core" do microbioma. Possui efeito simbiótico benéfico pois é produtora de propionato (SCFA), metabólito benéfico para o metabolismo humano. Também é uma bactéria produtora de BCAA. **Na amostra analisada foi detectada em abundância normal.\***

**Firmicutes bacterium CAG:65:** Bactérias simbióticas. Existem



## PRESENÇA DAS PRINCIPAIS BACTÉRIAS NA AMOSTRA ANALISADA

poucos estudos com estas cepas específicas, mas os Firmicutes representam um importante filo da microbiota normal intestinal, com diversas bactérias benéficas e produtoras de substâncias importantes como o butirato. O excesso de bactérias deste filo em alguns trabalhos tem sido relacionado ao aumento de IMC. **Na amostra analisada foi detectada em abundância aumentada.\***

**Parabacteroides distasonis:** Simbionte benéfica, associada a efeitos imunomodulatórios e antiinflamatórios. As dietas como a mediterrânea e cetogênica (maior teor de gordura) aumentam sua abundância. **Na amostra analisada foi detectada em abundância aumentada.\***

**Firmicutes bacterium CAG:124:** Bactérias simbióticas. Existem poucos estudos com estas cepas específicas, mas os Firmicutes representam um importante filo da microbiota normal intestinal, com diversas bactérias benéficas e produtoras de substâncias importantes como o butirato. O excesso de bactérias deste filo em alguns trabalhos tem sido relacionado ao aumento de IMC. **Na amostra analisada foi detectada em abundância aumentada.\***





## PRESENÇA DAS PRINCIPAIS BACTÉRIAS NA AMOSTRA ANALISADA

Foi detectada a bactéria potencialmente patogênica *Clostridioides difficile* na abundância de 0,11%.

**\*As ponderações relacionadas às abundâncias, como normal, aumentada ou diminuída, são baseadas em estudos de análise da microbiota disponíveis hoje. É importante ressaltar que não existem valores de referência para as bactérias simbióticas e o principal efeito benéfico é o equilíbrio. Fatores como idade, sexo e localização geográfica, entre outros também podem influenciar.**



## PRESENÇA DAS PRINCIPAIS BACTÉRIAS PROBIÓTICAS NA AMOSTRA ANALISADA

**Lactobacillus:** Não foram detectados na amostra analisada.

**Bifidobacterium:** Bifidobacterium adolescentis (<0,01%), Bifidobacterium adolescentis CAG:119 (<0,01%).

**Akkermansia muciniphila:** Abundância de 6,88%.



## ASSOCIAÇÃO DAS BACTÉRIAS ENCONTRADAS COM DOENÇAS GASTROINTESTINAIS JÁ DESCRITAS NA LITERATURA

Espécies	Doença de Crohn	Colite ulcerativa	Polipose adenomatosa familiar	Câncer de colón	Doença inflamatória intestinal
Faecalibacterium prausnitzii	↓	↓	↑	↓	↓
Bacteroides vulgatus	↓	#	↑	#	#
Parabacteroides distasonis	↑	#	#	#	#

A presente análise não substitui nenhum outro tipo de exame e não deve ser considerada diagnóstica. No presente item são relatadas relações entre algumas doenças e a abundância de bactérias encontradas nas doenças abordadas, de acordo com os estudos já publicados.

#: Sem estudos suficientes para a indicação.



## ASSOCIAÇÃO DAS BACTÉRIAS ENCONTRADAS COM DOENÇAS GASTROINTESTINAIS JÁ DESCRITAS NA LITERATURA

Espécies	Síndrome do intestino irritável
Bacteroides vulgatus	↓

A presente análise não substitui nenhum outro tipo de exame e não deve ser considerada diagnóstica. No presente item são relatadas relações entre algumas doenças e a abundância de bactérias encontradas nas doenças abordadas, de acordo com os estudos já publicados.

#: Sem estudos suficientes para a indicação.



## ASSOCIAÇÃO DAS BACTÉRIAS ENCONTRADAS COM DOENÇAS NEUROLÓGICAS JÁ DESCRITAS NA LITERATURA

Espécies	Doença de Parkinson	Autismo
Faecalibacterium prausnitzii	↓	↓
Bacteroides vulgatus	#	↑
Parabacteroides distasonis	#	↑

A presente análise não substitui nenhum outro tipo de exame e não deve ser considerada diagnóstica. No presente item são **relatadas relações** entre algumas doenças e a abundância de bactérias encontradas nas doenças abordadas, de acordo com os estudos já publicados.

#: Sem estudos suficientes para a indicação.



## ASSOCIAÇÃO DAS BACTÉRIAS ENCONTRADAS COM DOENÇAS METABÓLICAS JÁ DESCRITAS NA LITERATURA

Espécies	Diabetes do tipo II	Cirrose	Doença hepática gordurosa não alcoólica
Faecalibacterium prausnitzii	↓	↓	↓
Parabacteroides distasonis	↑	↓	#

A presente análise não substitui nenhum outro tipo de exame e não deve ser considerada diagnóstica. No presente item são relatadas relações entre algumas doenças e a abundância de bactérias encontradas nas doenças abordadas, de acordo com os estudos já publicados.

#: Sem estudos suficientes para a indicação.



## ASSOCIAÇÃO DAS BACTÉRIAS ENCONTRADAS COM DOENÇAS AUTOIMUNES JÁ DESCRITAS NA LITERATURA

Espécies	Diabetes do tipo I	Doença celíaca	Psoríase	Miastenia grave	Lupus Eritematoso sistêmico
Faecalibacterium prausnitzii	↓	↓	↓	↓	↓
Bacteroides vulgatus	↑	↑	#	#	↑
Parabacteroides distasonis	#	↑	#	#	#

A presente análise não substitui nenhum outro tipo de exame e não deve ser considerada diagnóstica. No presente item são relatadas relações entre algumas doenças e a abundância de bactérias encontradas nas doenças abordadas, de acordo com os estudos já publicados.

#: Sem estudos suficientes para a indicação.



## ASSOCIAÇÃO DAS BACTÉRIAS ENCONTRADAS COM DOENÇAS AUTOIMUNES JÁ DESCRITAS NA LITERATURA

Espécies	Síndrome de Sjorgen
Bacteroides vulgatus	↑

A presente análise não substitui nenhum outro tipo de exame e não deve ser considerada diagnóstica. No presente item são relatadas relações entre algumas doenças e a abundância de bactérias encontradas nas doenças abordadas, de acordo com os estudos já publicados.

#: Sem estudos suficientes para a indicação.





## ASSOCIAÇÃO DAS BACTÉRIAS ENCONTRADAS COM DOENÇAS ALÉRGICAS JÁ DESCRITAS NA LITERATURA

Espécies	Atopia	Dermatite atópica	Asma
Faecalibacterium prausnitzii	↓	↑	↓
Bacteroides vulgatus	#	↓	#

A presente análise não substitui nenhum outro tipo de exame e não deve ser considerada diagnóstica. No presente item são relatadas relações entre algumas doenças e a abundância de bactérias encontradas nas doenças abordadas, de acordo com os estudos já publicados.

#: Sem estudos suficientes para a indicação.



## ASSOCIAÇÃO DAS BACTÉRIAS ENCONTRADAS COM DOENÇAS CARDIOVASCULARES JÁ DESCRITAS NA LITERATURA

Espécies	Aterosclerose	Hiperlipidemia	Doença arterial coronariana
Faecalibacterium prausnitzii	↓	↓	#
Parabacteroides distasonis	#	#	↑

A presente análise não substitui nenhum outro tipo de exame e não deve ser considerada diagnóstica. No presente item são **relatadas relações** entre algumas doenças e a abundância de bactérias encontradas nas doenças abordadas, de acordo com os estudos já publicados.

#: Sem estudos suficientes para a indicação.



## ALIMENTOS, PROBIÓTICOS E SUPLEMENTOS

A CIÊNCIA DA METAGENÔMICA, É RELATIVAMENTE NOVA E ESTÁ EM GRANDE EXPANSÃO. AS SUGESTÕES PRESENTES NESTE RELATÓRIO SÃO BASEADAS EM ESTUDOS EXISTENTES ATÉ O MOMENTO.

ESSES ESTUDOS ESTÃO CADA VEZ MAIS SENDO AMPLIADOS, O QUE NO FUTURO NOS TRARÁ MAIS INFORMAÇÕES DA RELAÇÃO DOS MICRORGANISMOS COM OS ALIMENTOS, PROBIÓTICOS E NUTRIENTES.



## ALIMENTOS, SUPLEMENTOS E CEPAS PROBIÓTICAS FAVORÁVEIS

**Alimentos Positivos\***: stevia, vinho tinto, alho, brócolis, cacau, cevada, cranberry, proteína de ervilha, romã, sucos de vegetais e frutas, amêndoas, manjeriço, arroz integral, canela, maçã, chá verde, Oolong tea, sorgo, cúrcuma, tomilho, menta.

**Dietas Positivas\***: dieta com com baixo teor de alimentos processados, dieta rica em vegetais, dieta livre de glúten.

**Suplementos Positivos\***: resveratrol, ácido linoléico conjugado, genisteína, L-glutamina, vitamina D.

**Cepas Probióticas Positivas\***: Lactobacillus rhamnosus, Lactobacillus paracasei, Lactobacillus gasseri, Lactobacillus kefir.

\*Sugestões referentes ao resultado obtido na análise. Não se deve excluir ou incluir alimentos, suplementos e probióticos de maneira permanente nem sem indicação clínica do médico ou nutricionista.



## ALIMENTOS, SUPLEMENTOS E CEPAS PROBIÓTICAS DESFAVORÁVEIS

**Alimentos Negativos\***: produtos lácteos, pimenta vermelha, trigo, sódio em excesso, xilose, linhaça, orégano.

**Dietas Negativas\***: dieta com alto teor de gorduras, dieta cetogênica, dieta com alto teor de carboidratos refinados e gorduras de baixa qualidade.

**Suplementos Negativos\***: zinco, berberina.

**Cepas Probióticas Negativas\***: Bifidobacterium bifidum, Lactobacillus reuteri, Lactobacillus salivarius, Bifidobacterium infantis.

\*Sugestões referentes ao resultado obtido na análise. Não se deve excluir ou incluir alimentos, suplementos e probióticos de maneira permanente nem sem indicação clínica do médico ou nutricionista.



## REFERÊNCIAS

- Shiba, T., Aiba, Y., Ishikawa, H., Ushiyama, A., Takagi, A., Mine, T., & Koga, Y. (2003). The suppressive effect of bifidobacteria on *Bacteroides vulgatus*, a putative pathogenic microbe in inflammatory bowel disease. *Microbiology and Immunology*, 47(6), 371–378. <https://doi.org/10.1111/j.1348-0421.2003.tb03368.x>
- Takaishi, H., Matsuki, T., Nakazawa, A., Takada, T., Kado, S., Asahara, T., ... Hibi, T. (2008). Imbalance in intestinal microflora constitution could be involved in the pathogenesis of inflammatory bowel disease. *International Journal of Medical Microbiology*, 298(5–6), 463–472. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2007.07.016>
- Hibberd, M. C., Wu, M., Rodionov, D. A., Li, X., Cheng, J., Griffin, N. W., ... Gordon, J. I. (2017). The effects of micronutrient deficiencies on bacterial species from the human gut microbiota. *Science Translational Medicine*, 9(390). <https://doi.org/10.1126/scitranslmed.aal4069>.
- Rakoff-Nahoum, S., Foster, K. R., & Comstock, L. E. (2016). The evolution of cooperation within the gut microbiota. *Nature*, 533, 255–259. <https://doi.org/10.1038/nature17626>.
- Koleva, P. T., Bridgman, S. L., & Kozyrskyj, A. L. (2015). The infant gut microbiome: Evidence for obesity risk and dietary intervention. *Nutrients*, 7(4), 2237–2260. <https://doi.org/10.3390/nu7042237>.
- Christensen, L., Roager, H. M., Astrup, A., & Hjorth, M. F. (2018). Microbial enterotypes in personalized nutrition and obesity management. *The American Journal of Clinical Nutrition*, (7), 645–651. <https://doi.org/10.1093/ajcn/nqy175>.
- Human Microbiome Project Consortium, T. (2012). Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 486(7402), 207–214. <https://doi.org/10.1038/nature11234>.
- Walker, A. W., Ince, J., Duncan, S. H., Webster, L. M., Holtrop, G., Ze, X., ... Flint, H. J. (2011). Dominant and diet-responsive groups of bacteria within the human colonic microbiota. *ISME Journal*, 5(2), 220–230. <https://doi.org/10.1038/ismej.2010.118>.
- Schmidt, T. S. B., Raes, J., & Bork, P. (2018). The Human Gut Microbiome: From Association to Modulation. *Cell*, 172(6), 1198–1215. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.02.044>.
- Holscher, H. D. (2017). Dietary fiber and prebiotics and the gastrointestinal microbiota. *Gut Microbes*, 8(2), 172–184. <https://doi.org/10.1080/19490976.2017.1290756>.