

Solicitação

Ciente: Paciente Exemplo

Data de Nascimento: —

Protocolo: 000-00000-0

Nº do pedido: 000000000000

Prescritor: Dr. Gustavo A. Campana

Teste

Teste: Microbioma Intestinal Plus

Método: Sequenciamento de DNA de alto desempenho por tagmentação/shotgun – metagenômica

Material: Swab de fezes em solução estabilizante (ZSample)

Liberação

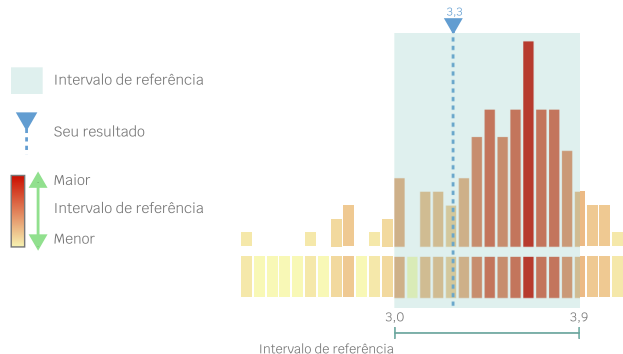
Coleta realizada em: 26/08/2026

Resultado liberado em: 22/09/2026

Resultado liberado por:
Dr. Gustavo Campana – CRM-SP 112.181

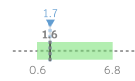
Resultados

Índice de alfa diversidade

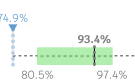


Relação entre filos

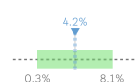
Firmicutes/Bacteroidetes



Bacteroidetes+Firmicutes

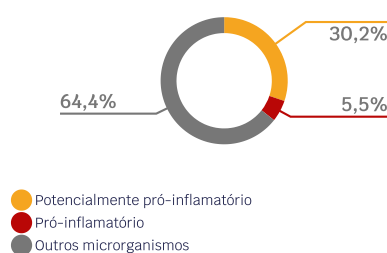


Proporção de Proteobactéria



Seu resultado Intervalo de referência Mediana

Perfil inflamatório



Enterotipo

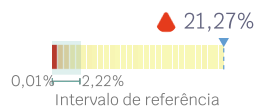
Não classificado

O perfil da microbiota identificado não se enquadra na classificação de enterotipos.

Microrganismos mais abundantes no seu resultado:

Alistipes onderdonkii

Espécie encontrada na microbiota intestinal humana.¹ No entanto, os dados sobre o papel na microbiota intestinal ainda são preliminares e contraditórios.^{2,3,4}



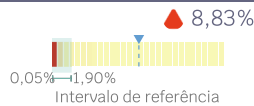
Bifidobacterium adolescentis

Essa espécie tem sido associada a uma microbiota saudável. Considerada a principal espécie produtora do neurotransmissor GABA, que tem um papel fundamental nos transtornos de ansiedade e depressão.^{5,6}



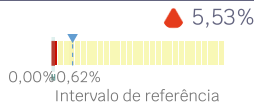
Ruthenibacterium lactatiformans

Bactéria comensal encontrada na microbiota intestinal.⁷ Em maiores proporções, esta espécie pode estar associada com a progressão da Esclerose Múltipla.^{8,9}



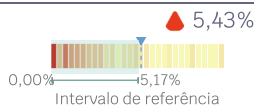
Romboutsia timonensis

Bactéria comensal no intestino, a sua ausência tem sido associada a algumas condições.^{10,11,12,13}



Collinsella aerofaciens

Bactéria anaeróbica encontrada na microbiota intestinal.^{14,15} Pode ser considerada patobionte, sendo frequentemente associada a diferentes condições.^{16,17,18,19,20}



Intervalo de referência

▲ O resultado encontra-se dentro do intervalo de referência para a população brasileira.

▲ O resultado encontra-se fora do intervalo de referência para a população brasileira.

✗ Não há dados da população brasileira para avaliação do resultado.

O teste de Microbioma Intestinal utiliza os intervalos de referência obtidos a partir da análise de um banco de dados específicos para cada faixa etária da microbiota intestinal de indivíduos brasileiros.

Principais bactérias marcadoras de saúde intestinal:

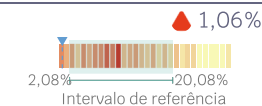
Bifidobacterium

Benéfica na manutenção da barreira intestinal graças à produção elevada de AGCC. Produz especialmente acetato, protegendo de infecções por bactérias enteropatogênicas.²¹



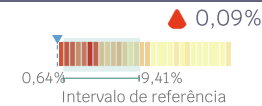
Faecalibacterium prausnitzii

Em abundância adequada, atua como fator de proteção em relação aos diversos distúrbios gastrointestinais. Possui propriedades anti-inflamatórias devido à produção de AGCC.²²



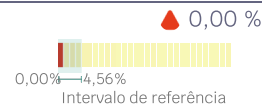
Roseburia

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.²³



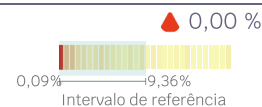
Akkermansia muciniphila

Possui propriedades benéficas, envolvida na manutenção da integridade da barreira intestinal e associada a dietas ricas em prebióticos e com baixa ingestão de ácidos graxos saturados.^{24,25}



Eubacterium rectale

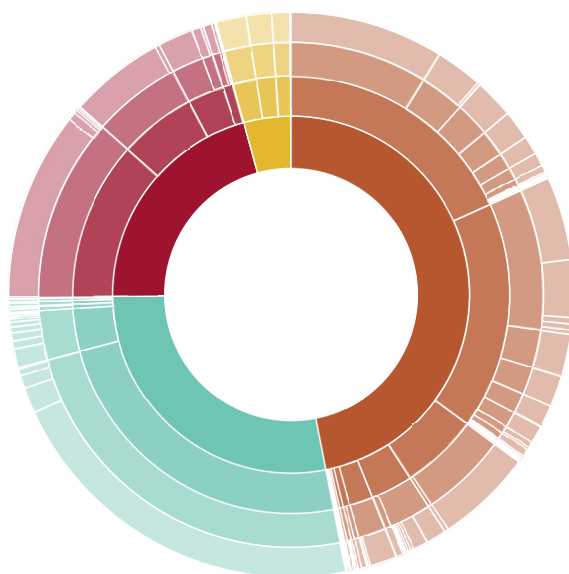
Bactéria benéfica por produzir butirato que possui propriedades anti-inflamatórias, auxilia na proliferação de colonócitos e na manutenção da integridade da barreira intestinal.²⁶



BACTERIOMA e ARCHAEOMA

Bactérias e Archaeas que compõem a microbiota intestinal Identificadas por Metagenômica – Shotgun, com Sequenciamento de DNA de alto desempenho

Gráfico taxonômico do resultado



Percentual de classificação taxonômica

Filo	100,0000%
Família	100,0000%
Gênero	100,0000%
Espécie	99,9610%

Legenda

Disposição taxonômica



Firmicutes	46,8964%
<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	8,8251%
<i>Romboutsia timonensis</i>	5,5321%
<i>Blautia wexlerae</i>	4,7761%
<i>Blautia hansenii</i>	3,3012%
<i>Ruminococcus torques</i>	2,6805%

Bacteroidetes	27,9810%
<i>Alistipes onderdonkii</i>	21,2690%
<i>Alistipes putredinis</i>	1,4573%
<i>Bacteroides vulgatus</i>	1,0943%
<i>Alistipes ihumii</i>	0,7625%
<i>Bacteroides stercoris</i>	0,4614%

Actinobacteria	20,8509%
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	10,7858%
<i>Collinsella aerofaciens</i>	5,4333%
<i>Eggerthella lenta</i>	2,0268%
<i>Gordonibacter pamelaee</i>	0,5219%
<i>Actinotignum schaalii</i>	0,4851%

Proteobacteria	4,2327%
<i>Escherichia coli</i>	1,7294%
<i>Bilophila wadsworthia</i>	1,4391%
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	1,0553%
<i>Parasutterella excrementihominis</i>	0,0089%

Fusobacteria	0,0390%
Não identificado	-

*Resumo das espécies mais abundantes encontradas em cada filo.

Lista de filos

Firmicutes	46,8964%
Bacteroidetes	27,9810%
Actinobacteria	20,8509%
Proteobacteria	4,2327%
Fusobacteria	0,0390%

Lista de famílias

Rikenellaceae	23,9359%
Oscillospiraceae	18,2345%
Lachnospiraceae	16,8477%
Bifidobacteriaceae	11,7068%
Peptostreptococcaceae	5,7641%
Coriobacteriaceae	5,6904%
Bacteroidaceae	3,1591%
Clostridiaceae	3,0879%
Eggerthellaceae	2,7034%
Eubacteriaceae	1,7398%
Enterobacteriaceae	1,7294%
Desulfovibrionaceae	1,4391%
Sutterellaceae	1,0643%
Actinomycetaceae	0,7285%
Acidaminococcaceae	0,4979%

Prevotellaceae	0,3268%
Streptococcaceae	0,2688%
Tannerellaceae	0,2631%
Barnesiellaceae	0,1844%
Veillonellaceae	0,1507%
Odoribacteraceae	0,1117%
Lactobacillaceae	0,0920%
Erysipelotrichaceae	0,0809%
Catabacteriaceae	0,0487%
Fusobacteriaceae	0,0390%
Coprobacillaceae	0,0365%
Peptoniphilaceae	0,0279%
Lawsonellaceae	0,0218%
Christensenellaceae	0,0089%
Leuconostocaceae	0,0039%

Bacillaceae	0,0032%
Planococcaceae	0,0014%
Staphylococcaceae	0,0014%

Lista de gêneros

Alistipes	23,9359%
Bifidobacterium	11,7068%
Blautia	9,0313%
Ruthenibacterium	8,8251%
Collinsella	5,6904%
Romboutsia	5,5321%
Bacteroides	3,1591%
Ruminococcus	2,8470%
Clostridium	2,6780%
Fusicatenibacter	2,4188%
Flavonifractor	2,2449%
Eggerthella	2,0268%
Lachnoclostridium	1,7677%
Eubacterium	1,7398%
Escherichia	1,7294%

Dysosmobacter	1,6760%
Bilophila	1,4391%
Anaerostipes	1,2959%
Faecalibacterium	1,0582%
Sutterella	1,0553%
Eisenbergiella	1,0202%
Eutepia	0,7797%
Gordonibacter	0,6576%
Actinotignum	0,4851%
Coprococcus	0,4808%
Anaerotruncus	0,4167%
Dorea	0,4135%
Hungatella	0,4002%
Phascolarctobacterium	0,3014%
Prevotella	0,2713%

Streptococcus	0,2688%
Parabacteroides	0,2631%
Intestinibacter	0,2320%
Acidaminococcus	0,1965%
Barnesiella	0,1844%
Varibaculum	0,1654%
Megasphaera	0,1507%
Odoribacter	0,1117%
Anaerobutyricum	0,1052%
Agathobaculum	0,1027%
Tyzzereella	0,0920%
Lactobacillus	0,0920%
Roseburia	0,0902%
Actinomyces	0,0780%
Faecalicatena	0,0698%

Mediterraneibacter	0,0623%
Intestinimonas	0,0573%
Pseudoflavonifractor	0,0569%
Paraprevotella	0,0555%
Catabacter	0,0487%
Bittarella	0,0458%
Oscillibacter	0,0401%
Fusobacterium	0,0390%
Thomasclavelia	0,0365%
Amedibacillus	0,0347%
Holdemanella	0,0329%
Phoceia	0,0308%
Subdoligranulum	0,0283%
Neglectibacter	0,0251%
Lawsonella	0,0218%

Slackia	0,0190%
Peptoniphilus	0,0168%
Longibaculum	0,0132%
Finegoldia	0,0111%
Massilioclostridium	0,0097%
Christensenella	0,0089%
Parasutterella	0,0089%
Leuconostoc	0,0039%
Shouchella	0,0032%
Ureibacillus	0,0014%
Staphylococcus	0,0014%

Lista de espécies

Alistipes onderdonkii	21,2690%
Bifidobacterium adolescentis	10,7858%
Ruthenibacterium lactatiformans	8,8251%

Alistipes putredinis	1,4573%
Bilophila wadsworthia	1,4391%
Anaerostipes hadrus	1,2712%

Bacteroides caccae	0,4525%
Anaerotruncus colihominis	0,4167%
Dorea longicatena	0,4135%

<i>Romboutsia timonensis</i>	5,5321%
<i>Collinsella aerofaciens</i>	5,4333%
<i>Blautia wexlerae</i>	4,7761%
<i>Blautia hansenii</i>	3,3012%
<i>Ruminococcus torques</i>	2,6805%
<i>Fusicatenibacter saccharivorans</i>	2,4188%
<i>Flavonifractor plautii</i>	2,2449%
<i>Eggerthella lenta</i>	2,0268%
<i>Lachnoclostridium bolteae</i>	1,7677%
<i>Escherichia coli</i>	1,7294%
<i>Dysosmobacter welbionis</i>	1,6760%
<i>Eubacterium hallii</i>	1,5268%

<i>Clostridium leptum</i>	1,1645%
<i>Bacteroides vulgatus</i>	1,0943%
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	1,0582%
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	1,0553%
<i>Eisenbergiella tayi</i>	1,0202%
<i>Clostridium innocuum</i>	0,8398%
<i>Eutepia gabavorous</i>	0,7797%
<i>Alistipes ihumii</i>	0,7625%
<i>Gordonibacter pamelaee</i>	0,5219%
<i>Actinotignum schaalii</i>	0,4851%
<i>Bifidobacterium longum</i>	0,4750%
<i>Bacteroides stercoris</i>	0,4614%

<i>Hungatella hathewayi</i>	0,4002%
<i>Alistipes finegoldii</i>	0,3705%
<i>Blautia obeum</i>	0,3641%
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0,3558%
<i>Coprococcus phoceensis</i>	0,3408%
<i>Bacteroides finegoldii</i>	0,3329%
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	0,3014%
<i>Bacteroides uniformis</i>	0,2792%
<i>Collinsella intestinalis</i>	0,2570%
<i>Blautia massiliensis</i>	0,2341%
<i>Intestinibacter bartlettii</i>	0,2320%
<i>Parabacteroides merdae</i>	0,2019%

<i>Acidaminococcus intestini</i>	0,1965%
<i>Barnesiella intestinihominis</i>	0,1844%
<i>Bacteroides fragilis</i>	0,1826%
<i>Clostridium lavalense</i>	0,1758%
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	0,1740%
<i>Varibaculum cambriense</i>	0,1654%
<i>Prevotella bivia</i>	0,1647%
<i>Clostridium citroniae</i>	0,1589%
<i>Megasphaera elsdenii</i>	0,1507%
<i>Ruminococcus gnavus</i>	0,1435%
<i>Coprococcus comes</i>	0,1400%
<i>Gordonibacter urolithinfaciens</i>	0,1357%
<i>Clostridium symbiosum</i>	0,1264%
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	0,1264%
<i>Bacteroides massiliensis</i>	0,1249%

<i>Eubacterium ramulus</i>	0,1160%
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0,1156%
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	0,1117%
<i>Bacteroides dorei</i>	0,1067%
<i>Bifidobacterium angulatum</i>	0,1067%
<i>Anaerobutyricum soehngenii</i>	0,1052%
<i>Agathobaculum butyriciproducens</i>	0,1027%
<i>Eubacterium limosum</i>	0,0970%
<i>Tyzzeraella nexile</i>	0,0920%
<i>Prevotella copri</i>	0,0906%
<i>Alistipes communis</i>	0,0766%
<i>Bacteroides ovatus</i>	0,0755%
<i>Faecalicatena contorta</i>	0,0698%
<i>Clostridium clostridioforme</i>	0,0698%
<i>Clostridium asparagiforme</i>	0,0652%

<i>Mediterraneibacter massiliensis</i>	0,0623%
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	0,0573%
<i>Roseburia faecis</i>	0,0573%
<i>Streptococcus salivarius</i>	0,0573%
<i>Pseudoflavonifractor capillosus</i>	0,0569%
<i>Paraprevotella clara</i>	0,0555%
<i>Clostridium aldenense</i>	0,0533%
<i>Parabacteroides distasonis</i>	0,0505%
<i>Catabacter hongkongensis</i>	0,0487%
<i>Actinomyces urogenitalis</i>	0,0487%
<i>Bittarella massiliensis</i>	0,0458%
<i>Lactobacillus iners</i>	0,0426%
<i>Oscillibacter sp.</i>	0,0401%
<i>Lactobacillus sakei</i>	0,0394%
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	0,0390%

<i>Streptococcus equinus</i>	0,0379%
<i>Streptococcus anginosus</i>	0,0369%
<i>Thomasclavelia ramosa</i>	0,0365%
<i>Amedibacillus dolichus</i>	0,0347%
<i>Roseburia hominis</i>	0,0329%
<i>Holdemanella biformis</i>	0,0329%
<i>Phoceia massiliensis</i>	0,0308%
<i>Subdoligranulum variabile</i>	0,0283%
<i>Neglectibacter timonensis</i>	0,0251%
<i>Anaerostipes caccae</i>	0,0247%
<i>Clostridium spiroforme</i>	0,0243%
<i>Ruminococcus faecis</i>	0,0229%
<i>Lawsonella clevelandensis</i>	0,0218%
<i>Actinomyces oris</i>	0,0211%
<i>Slackia exigua</i>	0,0190%

<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0,0179%
<i>Peptoniphilus lacrimalis</i>	0,0168%
<i>Longibaculum muris</i>	0,0132%
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0,0132%
<i>Prevotella disiens</i>	0,0132%
<i>Streptococcus pyogenes</i>	0,0129%
<i>Finegoldia magna</i>	0,0111%
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	0,0107%
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	0,0107%
<i>Lactobacillus rogosae</i>	0,0100%
<i>Massilioclostridium coli</i>	0,0097%
<i>Christensenella minuta</i>	0,0089%
<i>Parasutterella excrementihominis</i>	0,0089%
<i>Bacteroides timonensis</i>	0,0072%
<i>Streptococcus infantis</i>	0,0068%

<i>Actinomyces massiliensis</i>	0,0043%
<i>Leuconostoc carnosum</i>	0,0039%
<i>Actinomyces naeslundii</i>	0,0039%
<i>Shouchella clausii</i>	0,0032%
<i>Prevotella bergensis</i>	0,0029%
<i>Streptococcus urinalis</i>	0,0014%
<i>Ureibacillus thermosphaericus</i>	0,0014%
<i>Staphylococcus equorum</i>	0,0014%

MICROBIOMA

Fungos que compõem a microbiota intestinal Identificadas por Metagenômica - Shotgun, com Sequenciamento de DNA de alto desempenho

NÃO FORAM IDENTIFICADOS FUNGOS.

POTENCIAL FUNCIONAL DA MICROBIOTA INTESTINAL

Bactérias produtoras de Histamina

▲ 4,79%

Algumas bactérias possuem a capacidade de sintetizar histamina no intestino por possuírem a enzima histidina descarboxilase (HDC). A produção da histamina através da HDC ocorre pela descarboxilação do aminoácido histidina. O aumento da abundância destas bactérias pode contribuir para o aumento de histamina fecal e aumentar a sensibilidade à ingestão de alimentos ricos em histamina.^{27,28,29,30,31.}



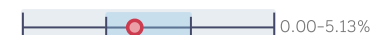
Espécies relacionadas à produção de Histamina

Clostridium

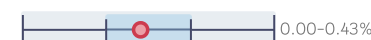
▲ 2,68%

*Escherichia coli*

▲ 1,73%

*Bifidobacterium pseudocatenulatum*

▲ 0,17%



Bactérias produtoras de Beta-glucuronidase

 53,31%

Algumas bactérias são capazes de produzir β -glucuronidase. Essa enzima quebra o ácido glucurônico de compostos previamente conjugados no fígado, promovendo a reativação de metabólitos como hormônios, bioativos da dieta, toxinas e fármacos. As bactérias produtoras de β -glucuronidase podem atuar em processos fisiológicos importantes, contribuindo tanto para a manutenção da homeostase quanto para o desenvolvimento de condições patológicas.^{32,33,34}



Espécies relacionadas à produção de Beta-glucuronidase

Alistipes
 23,94%

Alistipes onderdonkii
 21,27%

Collinsella
 5,69%




Solicitação

Cliente: Paciente Exemplo

Data de Nascimento: –

Protocolo: 000-00000-0

Nº do pedido: 000000000000

Prescritor: Dr. Gustavo A. Campana

Teste

Teste: Microbioma Intestinal Plus

Método: Sequenciamento de DNA de alto desempenho por tagmentação/shotgun – metagenômica

Material: Swab de fezes em solução estabilizante (ZSample)

Liberação

Coleta realizada em: 26/08/2026

Resultado liberado em: 22/09/2026

Resultado liberado por:
Dr. Gustavo Campana – CRM-SP 112.181

Dados clínicos

De acordo com os dados fornecidos:

- Origem da amostra: Coletada e enviada por laboratório parceiro.
- Sintomas:
 - Eructação (arrotos) (há 3 anos).
 - Diarreia (sempre quando bebe bebidas alcoólicas).
 - Constipação (há 5 anos).
 - Distensão abdominal (há 3 anos).
 - Sensibilidade abdominal (há 3 anos).
- Escala de Bristol: Tipo 5 e Tipo 1 (pedaços muito moles ou muito duros).
- Condições diagnosticadas:
 - Gastrite (01/2013).
- Prática exercícios físicos (Musculação 3 a 4x/semana).
- É fumante (há 4 anos).
- Passou por mudança de estilo de vida: Começou a academia em janeiro e dieta evitando *FODMAPs* há 2 meses.
- Outros medicamentos e terapias: Enzimas há 2 meses, com interrupção para realização deste exame.

Número do pedido: 000000000000.

Motivo de solicitação

Não informado.

Resultados

BACTERIOMA

Foi identificada a presença do reino **Bacteria**: 100,0000% [Intervalo de referência 98,7814% – 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.³⁵

**Elevações discretas na abundância devem ser avaliadas com cautela.*

- Foi identificada a presença da espécie **Collinsella aerofaciens**: 5,4333% [Intervalo de referência 0,0000% – 5,1710%]
 - *C. aerofaciens* (filo Actinobacteria) é uma bactéria anaeróbia encontrada na microbiota intestinal.^{14,15} Pode ser considerada patobionte, sendo frequentemente associada a diferentes condições.^{16,17,18,19}
 - A maior abundância de *C. aerofaciens* pode estar relacionada com a presença de sangue nas fezes.²⁰
- Foi identificada a presença da espécie **Flavonifractor plautii**: 2,2449% [Intervalo de referência 0,0931% – 0,9663%]
 - *F. plautii* (filo Firmicutes) é uma bactéria comumente encontrada na microbiota intestinal humana. No entanto, o seu papel não está bem estabelecido, sendo que alguns estudos observaram a maior abundância dessa espécie em pacientes com Câncer colorretal e Doença Inflamatória Intestinal.^{36,37,38,39,40,41}
- Foi identificada a presença da espécie **Eggerthella lenta**: 2,0268% [Intervalo de referência 0,0000% – 0,5229%]
 - *E. lenta* (filo Actinobacteria) faz parte do microbioma intestinal humano e tem sido mais comumente associada a infecções do trato gastrointestinal.⁴² Devido a dificuldades com a identificação laboratorial, há uma escassez de dados publicados.⁴²
 - Alguns estudos observaram que *E. lenta* consegue metabolizar e inativar compostos tóxicos, como por exemplo, a dígitoxina.^{43,44}
 - A maior abundância de *Eggerthella lenta* pode estar relacionada com a presença de sangue nas fezes.²⁰

- Foi identificada a presença da espécie ***Lachnoclostridium boltea***: 1,7677% [Intervalo de referência 0,0660% – 0,3633%]
 - A espécie *L. boltea* (filo Firmicutes) faz parte da microbiota intestinal de humanos, porém é considerada um patógeno oportunista podendo causar infecções abdominais.^{45,46}
- Foi identificada a presença da espécie ***Bilophila wadsworthia***: 1,4391% [Intervalo de referência 0,0000% – 0,8458%]
 - B. wadsworthia* (filo Proteobacteria) pode metabolizar proteínas e gerar compostos tóxicos com potencial pró-inflamatório. Geralmente estão associadas a dietas ricas em proteínas animal e gordura.^{47,48}
- Foi identificada a presença da espécie ***Sutterella wadsworthensis***: 1,0553% [Intervalo de referência 0,0000% – 0,5098%]
 - Apesar do gênero *Sutterella* (filo Proteobacteria) estar associado a doenças gastrointestinais, os dados da literatura ainda são controversos em determinar o papel destas bactérias na microbiota intestinal humana.⁴⁹
- Foi identificada a presença da espécie ***Clostridium innocuum***: 0,8398% [Intervalo de referência 0,0489% – 0,4093%]
 - A espécie *C. innocuum* é parte da microbiota intestinal, porém é considerada um patógeno oportunista podendo causar infecções extra-intestinais e apresentar resistência à vancomicina.^{50,51,52} Além disso, tem sido identificada nas fezes de pacientes com diarreia associada ao uso de antibióticos.⁵³
- Foi identificada a presença da espécie ***Actinotignum schaalii***: 0,4851% [Intervalo de referência 0,0000% – 0,0000%]
 - A. schaalii* (filo Actinobacteria) é uma espécie encontrada em amostras urogenitais e está principalmente relacionada a Infecções do Trato Urinário (ITU), sobretudo em idosos.^{54,55} *A. schaalii* é resistente a algumas classes de antibióticos.^{54,55} Contudo, ainda não há relatos consistentes na literatura sobre a função da espécie *A. schaalii* na microbiota intestinal e a relação com condições específicas.

Proporção entre os filos de bactérias

- Foi identificada a presença do filo **Firmicutes**: 46,8964% [Intervalo de referência 36,3003% – 79,2822%]
- Foi identificada a presença do filo **Bacteroidetes**: 27,9810% [Intervalo de referência 10,9235% – 53,6319%]
- Razão Firmicutes/Bacteroidetes**: 1,7 [Intervalo de referência 0,6 – 6,8]
 - A microbiota intestinal de indivíduos saudáveis apresenta predomínio de bactérias pertencentes aos filos Firmicutes (Bacillota⁵⁶) e Bacteroidetes (Bacteroidota⁵⁶)⁵⁷. 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.^{58,59,60} Porém, desequilíbrios entre os filos também podem estar associados a condições como Doenças Inflamatórias Intestinais e Síndrome do Intestino Irritável.⁶¹
- Foi identificada a presença do filo **Actinobacteria**: 20,8509% [Intervalo de referência 0,5925% – 9,3085%]
 - O filo Actinobacteria (Actinomycetota⁵⁶) 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).²¹
- Foi identificada a presença do filo **Proteobacteria**: 4,2327% [Intervalo de referência 0,2515% – 8,1441%]
 - O filo Proteobacteria (Pseudomonadota⁵⁶) é comumente encontrado na microbiota intestinal de indivíduos saudáveis.^{57,62,63,64}
- Foi identificada a presença do filo **Fusobacteria**: 0,0390% [Intervalo de referência 0,0000% – 0,0159%]
 - O filo Fusobacteria (Fusobacteriota⁵⁶) possui bactérias consideradas patobiontes, com potencial de induzir processos inflamatórios. Algumas espécies possuem maior potencial de adesão, invasão e atividade pró-inflamatória.^{65,66}

ARCHAEOMA

Não foi identificada a presença do reino **Archaea** [Intervalo de referência 0,0000% – 1,2184%]

- As archaeas estão presentes na microbiota intestinal em menor proporção do que as bactérias, representando abundâncias de cerca de 1,4%.⁶⁷ 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).^{68,69} A metanogênese reduz o volume de gases, porém também pode impactar o trânsito gastrointestinal reduzindo o peristaltismo.⁷⁰

MICROBIOMA

Não foi identificada a presença do reino **Fungi** [Intervalo de referência 0,0000% – 0,0458%]

- Os fungos estão presentes na microbiota intestinal em menor proporção do que as bactérias, representando abundâncias de até 0,1%.^{71,72} 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.

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.⁵⁷

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

INTERPRETAÇÃO DOS RESULTADOS

- Dentre os resultados obtidos, destacamos:
 - BACTERIOMA**
 - Potencial funcional da microbiota intestinal:
 - Total de bactérias produtoras de histamina está dentro do intervalo de referência.
 - Total de bactérias produtoras de beta-glucuronidase está **abaixo** do intervalo de referência. Porém, algumas taxonomias estão **acima** do intervalo de referência.
 - Microorganismos mais abundantes detectados **acima** dos intervalos de referência: *Alistipes onderdonkii*, *Bifidobacterium adolescentis*, *Ruthenibacterium lactatiformans*, *Romboutsia timonensis*, *Collinsella aerofaciens*.
 - Bactérias associadas à saúde intestinal:
 - Detectada dentro do intervalo de referência: *Lactobacillus*.
 - Detectada **acima** do intervalo de referência: *Bifidobacterium*.
 - Detectada **abaixo** do intervalo de referência: *Faecalibacterium prausnitzii*, *Roseburia*.
 - Não detectada:** *Eubacterium rectale*, *Akkermansia muciniphila*.
 - Bactérias patogênicas, patobiontes e/ou pró-inflamatórias detectadas **acima** do intervalo de referência: *Collinsella aerofaciens*, *Flavonifractor plautii*, *Eggerthella lenta*, *Lachnoclostridium bolteae*, *Bilophila wadsworthia*, *Sutterella wadsworthensis*, *Clostridium innocuum*, *Actinotignum schaalii*.
 - Bactérias associadas à **diarreia** detectadas: *Escherichia coli*, *Bacteroides fragilis* dentro do intervalo de referência. A presença deve ser avaliada com cautela, sendo recomendada a investigação de toxinas/cepas diarreogênicas e a correlação com o quadro clínico.
 - Foi detectada a presença de bactérias comuns da cavidade oral **acima** do intervalo de referência: *Streptococcus anginosus*, *Actinomyces oris*, *Slackia exigua*, *Actinomyces naeslundii*.
 - 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, Proteobacteria dentro do intervalo de referência.
 - Proporção do filo Actinobacteria, Fusobacteria **acima** do intervalo de referência.
 - ARCHAEAS**
 - Não foram detectadas archaeas.
 - FUNGOS**
 - Não foram detectados fungos.
 - 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 específicos para cada faixa etária da população brasileira e indica o **DESEQUILÍBRIO** 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

- KULAGINA EV, EFIMOV BA, MAXIMOV PY, KAFARSKAIA LI, CHAPLIN AV, SHKOPOROV AN. Species Composition of Bacteroidales Order Bacteria in the Feces of Healthy People of Various Ages. Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry. 2012;76(1):169–17doi:10.1271/bbb.110434
- Toumi E, Goutorbe B, Plauzolles A, et al. Gut microbiota in systemic lupus erythematosus patients and lupus mouse model: a cross species comparative analysis for biomarker discovery. Frontiers in Immunology. 2022;13. doi:10.3389/fimmu.2022.943241
- Haberman Y, Kamer I, Amir A, et al. Gut microbial signature in lung cancer patients highlights specific taxa as predictors for durable clinical benefit. Scientific Reports. 2023;13(1). doi:10.1038/s41598-023-29136-4
- Cobo F, Foronda C, Pérez-Carrasco V, Martín-Hita L, García-Salcedo JA, Navarro-Marí JM. First description of abdominal infection due to *Alistipes onderdonkii*. Anaerobe. 2020;66:102283. doi:10.1016/j.anaerobe.2020.102283
- Duranti S, Ruiz L, Lugli GA, et al. *Bifidobacterium adolescentis* as a key member of the human gut microbiota in the production of GABA. Scientific Reports. 2020;10(1). doi:10.1038/s41598-020-70986-z.
- Guo Y, Xie J-P, Deng K, et al. Prophylactic Effects of *Bifidobacterium adolescentis* on Anxiety and Depression-Like Phenotypes After Chronic Stress: A Role of the Gut Microbiota-Inflammation Axis. Frontiers in Behavioral Neuroscience. 2019;13. doi:10.3389/fnbeh.2019.00126.
- Shkoporov AN, Chaplin AV, Shcherbakova VA, et al. *Ruthenibacterium lactatiformans* gen. nov., sp. nov., an anaerobic, lactate-producing member of the family Ruminococcaceae isolated from human faeces. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 2016;66(8):3041–3049. doi:10.1099/ijsem.0.001143.
- Zhou X, Baumann R, Gao X, et al. Gut microbiome of multiple sclerosis patients and paired household healthy controls reveal associations with disease risk and course. Cell. 2022;185(19):3467–3486.e16. doi:10.1016/j.cell.2022.08.021
- Cox LM, Maghzi AH, Liu S, et al. Gut Microbiome in Progressive Multiple Sclerosis. Annals of Neurology. 2021;89(6):1195–121doi:10.1002/ana.26084
- Yap CX, Henders AK, Alvares GA, et al. Autism-related dietary preferences mediate autism-gut microbiome associations. Cell. 2021;184(24):5916–5931.e17. doi:10.1016/j.cell.2021.10.015
- Mangifesta M, Mancabelli L, Milani C, et al. Mucosal microbiota of intestinal polyps reveals putative biomarkers of colorectal cancer. Scientific Reports. 2018;8(1). doi:10.1038/s41598-018-32413-2
- Ricaboni D, Mailhe M, Khelaifia S, Raoult D, Million M. *Romboutsia timonensis*, a new species isolated from human gut. New Microbes and New Infections. 2016;12:6–7. doi:10.1016/j.nmni.2016.04.001

13. Milani C, Ticinesi A, Gerritsen J, et al. Gut microbiota composition and *Clostridium difficile* infection in hospitalized elderly individuals: a metagenomic study. *Scientific Reports*. 2016;6(1). doi:10.1038/srep25945
14. Tourlousse DM, Sakamoto M, Miura T, et al. Complete Genome Sequence of *Collinsella aerofaciens* JCM 10188 T. Putonti C, ed. *Microbiology Resource Announcements*. 2020;9(16). doi:10.1128/mra.00134-20
15. Bag S, Ghosh TS, Das B. Complete Genome Sequence of *Collinsella aerofaciens* Isolated from the Gut of a Healthy Indian Subject. *Genome Announcements*. 2017;5(47). doi:10.1128/genomea.01361-17
16. Companys J, Gosalbes MJ, Pla-Pagà L, et al. Gut Microbiota Profile and Its Association with Clinical Variables and Dietary Intake in Overweight/Obese and Lean Subjects: A Cross-Sectional Study. *Nutrients*. 2021;13(6):2032. doi:10.3390/nu13062032
17. Ruiz-Limón P, Mena-Vázquez N, Moreno-Indias I, et al. *Collinsella* is associated with cumulative inflammatory burden in an established rheumatoid arthritis cohort. *Biomedicine & Pharmacotherapy*. 2022;153:113518. doi:10.1016/j.biopha.2022.113518
18. Karlsson FH, Fåk F, Nookaew I, et al. Symptomatic atherosclerosis is associated with an altered gut metagenome. *Nature Communications*. 2012;3(1). doi:10.1038/ncomms2266.
19. Gomez-Arango LF, Barrett HL, Wilkinson SA, et al. Low dietary fiber intake increases *Collinsella* abundance in the gut microbiota of overweight and obese pregnant women. *Gut Microbes*. 2018;9(3):189–201. doi:10.1080/19490976.2017.1406584.
20. Chénard, T., Malick, M., Dubé, J. et al. The influence of blood on the human gut microbiome. *BMC Microbiol* 20, 44 (2020).
21. 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.
22. 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.
23. 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.
24. 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.
25. 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.
26. 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.
27. Sánchez-Pérez S, Comas-Basté O, Duelo A, et al. Intestinal Dysbiosis in Patients with Histamine Intolerance. *Nutrients*. 2022;14(9):1774. doi:10.3390/nu14091774
28. Schnedl WJ, Enko D. Histamine Intolerance Originates in the Gut. *Nutrients*. 2021;13(4):1262. doi:10.3390/nu13041262
29. Smolinska S, Winiarska E, Globinska A, Jutel M. Histamine: A Mediator of Intestinal Disorders—A Review. *Metabolites*. 2022;12(10):895. doi:10.3390/metabo12100895
30. Pugin B, Barcik W, Westermann P, et al. A wide diversity of bacteria from the human gut produces and degrades biogenic amines. *Microbial Ecology in Health and Disease*. 2017;28(1):135388doi:10.1080/16512235.2017.1353881
31. Reese I, Ballmer-Weber B, Beyer K, et al. Guideline on management of suspected adverse reactions to ingested histamine – Guideline of the German Society for Allergology and Clinical Immunology (DGAKI), the Society for Pediatric Allergology and Environmental Medicine (GPA), the Medical Association. *Allergologie select*. 2021;5(01):305–314. doi:10.5414/alx02269e
32. Hu S, Ding Q, Zhang W, Kang M, Ma J, Zhao L. Gut microbial beta-glucuronidase: a vital regulator in female estrogen metabolism. *Gut Microbes*. 2023;15(1). doi:10.1080/19490976.2023.2236749
33. Pellock SJ, Redinbo MR. Glucuronides in the gut: Sugar-driven symbioses between microbe and host. *Journal of Biological Chemistry*. 2017;292(21):8569–8576. doi:10.1074/jbc.r116.767434
34. Gao S, Sun R, Singh R, et al. The role of gut microbial β -glucuronidase in drug disposition and development. *Drug Discovery Today*. 2022;27(10):103316. doi:10.1016/j.drudis.2022.07.001
35. 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
36. Ogita T, Yamamoto Y, Mikami A, Shigemori S, Sato T, Shimosato T. Oral Administration of Flavonifractor plautii Strongly Suppresses Th2 Immune Responses in Mice. *Frontiers in Immunology*. 2020;11. doi:10.3389/fimmu.2020.00379.
37. Gupta A, Dhakan DB, Maji A, et al. Association of Flavonifractor plautii, a Flavonoid-Degrading Bacterium, with the Gut Microbiome of Colorectal Cancer Patients in India. *Bordenstein S, ed. mSystems*. 2019;4(6). doi:10.1128/msystems.00438-19
38. Malham M, Lilje B, Houen G, Winther K, Andersen PS, Jakobsen C. The microbiome reflects diagnosis and predicts disease severity in paediatric onset inflammatory bowel disease. *Scandinavian Journal of Gastroenterology*. 2019;54(8):969–975. doi:10.1080/00365521.2019.1644368.
39. Mikami A, Ogita T, Namai F, Shigemori S, Sato T, Shimosato T. Oral Administration of Flavonifractor plautii, a Bacteria Increased With Green Tea Consumption, Promotes Recovery From Acute Colitis in Mice via Suppression of IL-17. *Frontiers in Nutrition*. 2021;7. doi:10.3389/fnut.2020.610946
40. Yang Y, Du L, Shi D, et al. Dysbiosis of human gut microbiome in young-onset colorectal cancer. *Nature Communications*. 2021;12(1). doi:10.1038/s41467-021-27112-y
41. Iadsee N, Chuaypen N, Techawiwattanaboon T, et al. Identification of a novel gut microbiota signature associated with colorectal cancer in Thai population. *Scientific Reports*. 2023;13(1). doi:10.1038/s41598-023-33794-9
42. Gardiner BJ, Tai AY, Kotsanas D, et al. Clinical and Microbiological Characteristics of *Eggerthella lenta* Bacteremia. Bourbeau P, ed. *Journal of Clinical Microbiology*. 2014;53(2):626–635. doi:10.1128/jcm.02926-14.
43. Koppel N, Bisanz JE, Pandelia M-E, Turnbaugh PJ, Balskus EP. Discovery and characterization of a prevalent human gut bacterial enzyme sufficient for the inactivation of a family of plant toxins. *eLife*. 2018;7. doi:10.7554/elife.33953.
44. Sharma AK, Jaiswal SK, Chaudhary N, Sharma VK. A novel approach for the prediction of species-specific biotransformation of xenobiotic/drug molecules by the human gut microbiota. *Scientific Reports*. 2017;7(1). doi:10.1038/s41598-017-10203-6.
45. Dehoux P, Marvaud JC, Abouelleil A, Earl AM, Lambert T, Dauga C. Comparative genomics of *Clostridium bolteae* and *Clostridium clostridioforme* reveals species-specific genomic properties and numerous putative antibiotic resistance determinants. *BMC Genomics*. 2016;17(1). doi:10.1186/s12864-016-3152-x
46. Song Y, Liu C, Molitoris DR, et al. *Clostridium bolteae* sp. nov., Isolated from Human Sources. *Systematic and Applied Microbiology*. 2003;26(1):84–89. doi:10.1078/072320203322337353
47. David LA, Maurice CF, Carmody RN, et al. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*. 2013;505(7484):559–563. doi:10.1038/nature12820.
48. Natividad JM, Lamas B, Pham HP, et al. *Bifidobacterium wadsworthia* aggravates high fat diet induced metabolic dysfunctions in mice. *Nature Communications*. 2018;9(1). doi:10.1038/s41467-018-05249-7.
49. Hiippala K, Kainulainen V, Kalliomäki M, Arkkila P, Satokari R. Mucosal Prevalence and Interactions with the Epithelium Indicate Commensalism of *Sutterella* spp. *Frontiers in Microbiology*. 2016;7. doi:10.3389/fmicb.2016.01706.
50. Mohr C, Heine WE, Wutzke KD. *Clostridium innocuum*: a glucoseureide-splitting inhabitant of the human intestinal tract. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - General Subjects*. 1999;1472(3):550–554. doi:10.1016/s0304-4165(99)00162-2
51. Cherny KE, Muscat EB, Reyna ME, Kocielek LK. *Clostridium innocuum*: Microbiological and clinical characteristics of a potential emerging pathogen. *Anaerobe*. 2021;71:102418. doi:10.1016/j.anaerobe.202102418
52. Chia JH, Feng Y, Su LH, et al. *Clostridium innocuum* is a significant vancomycin-resistant pathogen for extraintestinal clostridial infection. *Clinical Microbiology and Infection*. 2017;23(8):560–566. doi:10.1016/j.cmi.2017.02.025
53. Chia JH, Wu TS, Wu TL, et al. *Clostridium innocuum* is a vancomycin-resistant pathogen that may cause antibiotic-associated diarrhoea. *Clinical Microbiology and Infection*. 2018;24(11):1195–1199. doi:10.1016/j.cmi.2018.02.015
54. Lotte R, Lotte L, Ruimy R. *Actinotignum schaalii* (formerly *Actinobaculum schaalii*): a newly recognized pathogen—review of the literature. *Clinical Microbiology and Infection*. 2016;22(1):28–36. doi:10.1016/j.cmi.2015.10.038
55. Sahuquillo-Arce JM, Suárez-Urquiza P, Hernández-Cabezas A, et al. *Actinotignum schaalii* infection: Challenges in diagnosis and treatment. *Heliyon*. 2024;10(7):e28589. doi:10.1016/j.heliyon.2024.e28589



56. 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
57. 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.
58. 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
59. 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
60. 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.
61. 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.
62. 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.
63. 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.
64. 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.
65. Reinoso Webb C, Koboziev I, Furr KL, Grisham MB. Protective and pro-inflammatory roles of intestinal bacteria. *Pathophysiology*. 2016;23(2):67–80. doi:10.1016/j.pathophys.2016.02.002.
66. Forbes JD, Van Domselaar G, Bernstein CN. The Gut Microbiota in Immune-Mediated Inflammatory Diseases. *Frontiers in Microbiology*. 2016;7. doi:10.3389/fmicb.2016.01081.
67. Kumpitsch C, Fischmeister FPHS, Mahner 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
68. 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.
69. 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.
70. 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
71. 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. doi:10.1177/17562848211047130
72. 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 Intestinal 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.

Esse teste identifica as bactérias, archaeas e fungos que compõem a microbiota intestinal por meio de seu DNA. Essa análise é composta de protocolos moleculares (sequenciamento de DNA de alto desempenho por tagmentação/shotgun – metagenômica) e de bioinformática e tem como objetivo fornecer a detecção acurada da comunidade de bactérias, archaeas e fungos do trato intestinal humano.

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 BiomeHub Pesquisa e Desenvolvimento (CNES 0107484) de acordo com o preconizado pela legislação vigente (RDC 978/2025).

Este laudo foi atualizado para a versão PRObiome Plus_v3 a partir de 06/04/2026. A nova versão foi implementada em decorrência das seguintes alterações: os laudos passam a considerar a idade do paciente para definição dos intervalos de referência e parâmetro do perfil inflamatório possui novas classificações.

Consulte sempre o seu profissional de saúde.

Direitos Autorais Reservados©