

Solicitação

Ciente: Paciente Exemplo

Data de Nascimento: —

Protocolo: 000-00000-0

Nº do pedido: 000000000000

Prescritor: Dr. Gustavo A. Campana

Teste

Teste: Microbioma Intestinal

Método: Sequenciamento de DNA de alto desempenho da região V3/V4 do gene 16S rRNA

Material: Swab de fezes em solução estabilizante (ZSample)

Liberação

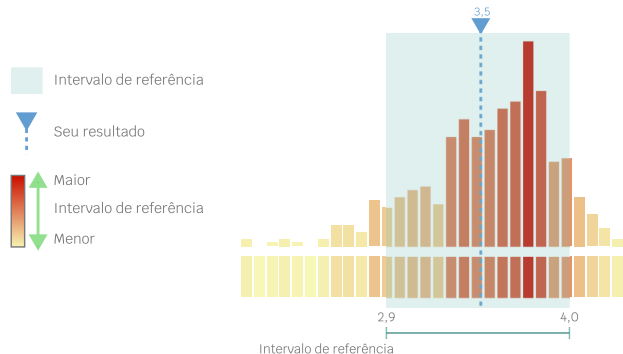
Coleta realizada em: 23/08/2026

Resultado liberado em: 22/09/2026

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

Resultados

Índice de alfa diversidade

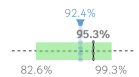


Relação entre filos

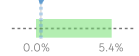
Firmicutes/Bacteroidetes



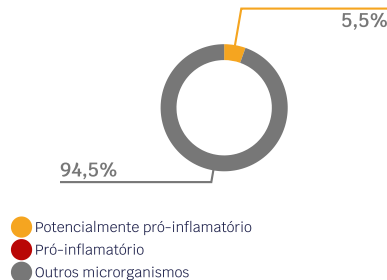
Bacteroidetes+Firmicutes



Proporção de Proteobactéria



Perfil inflamatório



Enterotipo

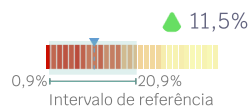
Não classificado

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

Bactérias mais abundantes no seu resultado:

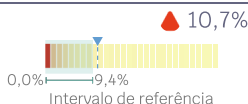
Faecalibacterium prausnitzii

Em abundância adequada, atua como fator de proteção em relação aos diversos distúrbios gastrointestinais. Possui propriedades anti-inflamatórias devido à produção de AGCC.¹



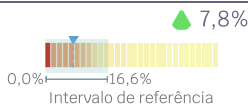
Eubacterium rectale

Bactéria benéfica por produzir butirato que possui propriedades anti-inflamatórias, auxilia na proliferação de colonócitos e na manutenção da integridade da barreira intestinal.²



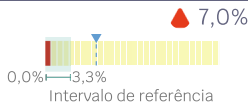
Blautia

Bactérias comensais capazes de produzir moléculas anti-inflamatórias, como os AGCC.^{3,4,5} Algumas espécies são capazes de produzir bacteriocinas que inibem o crescimento de patógenos.⁶



Holdemanella biformis

Holdemanella biformis é uma bactéria da microbiota intestinal produtora de ácidos graxos de cadeia curta, os quais possuem atividade anti-inflamatória.^{7,8}



Catenibacterium

Indivíduos com permeabilidade intestinal e obesidade podem apresentar uma menor abundância deste gênero. Além disso, este gênero foi relacionado a fenótipos e padrões alimentares mais saudáveis.⁹



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.

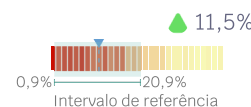
✗ Não há dados da população brasileira para avaliação do resultado.

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:

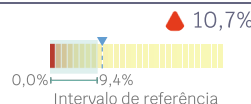
Faecalibacterium prausnitzii

Em abundância adequada, atua como fator de proteção em relação aos diversos distúrbios gastrointestinais. Possui propriedades anti-inflamatórias devido à produção de AGCC.¹



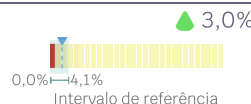
Eubacterium rectale

Bactéria benéfica por produzir butirato que possui propriedades anti-inflamatórias, auxilia na proliferação de colonócitos e na manutenção da integridade da barreira intestinal.²



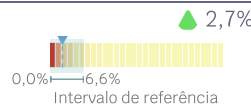
Bifidobacterium

Benéfica na manutenção da barreira intestinal graças à produção elevada de AGCC. Produz especialmente acetato, protegendo de infecções por bactérias enteropatogênicas.¹⁰



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.¹¹



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.^{12,13}

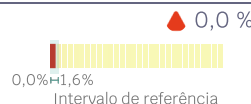
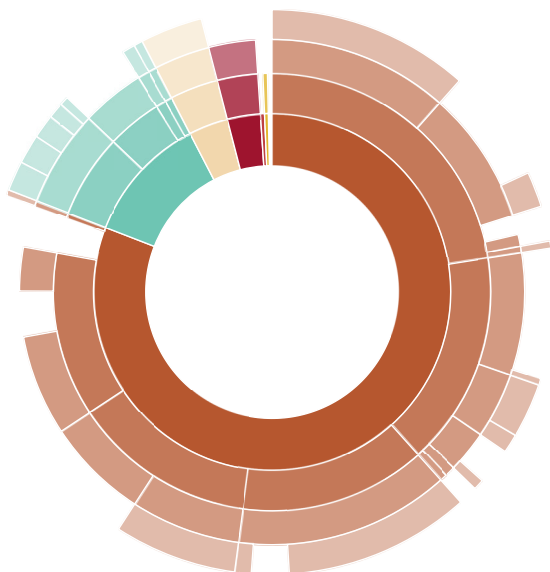


Gráfico taxonômico do resultado



Percentual de classificação taxonômica

Filo	99,7%
Família	96,6%
Gênero	92,1%
Espécie	49,1%

Legenda

Disposição taxonômica



Firmicutes	80,9%
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	11,5%
<i>Eubacterium rectale</i>	10,7%
<i>Holdemanella bififormis</i>	7,0%
<i>Dorea longicatena</i>	3,1%
<i>Ruminococcus lactaris</i>	2,0%

Bacteroidetes	11,5%
<i>Bacteroides dorei</i>	1,7%
<i>Bacteroides uniformis</i>	1,7%
<i>Bacteroides vulgatus</i>	1,4%
<i>Bacteroides plebeius</i>	0,9%
<i>Barnesiella intestinihominis</i>	0,7%

Fusobacteria	3,6%
<i>Fusobacterium mortiferum</i>	3,6%

Actinobacteria	3,0%
<i>Não identificado</i>	-

Synergistetes	0,4%
<i>Não identificado</i>	-

*Resumo das espécies mais abundantes encontradas em cada filo.

Lista de filos

Firmicutes	80,9%
Bacteroidetes	11,5%
Fusobacteria	3,6%
Actinobacteria	3,0%
Synergistetes	0,4%
Proteobacteria	0,3%

Lista de famílias

Oscillospiraceae	22,5%
Lachnospiraceae	15,8%
Eubacteriaceae	13,8%
Erysipelotrichaceae	13,6%
Clostridiaceae	12,1%
Bacteroidaceae	6,2%
Prevotellaceae	4,1%
Fusobacteriaceae	3,6%
Bifidobacteriaceae	3,0%
Barnesiellaceae	0,7%
Rikenellaceae	0,5%
Acidaminococcaceae	0,3%
Comamonadaceae	0,3%

Lista de gêneros

<i>Eubacterium</i>	13,8%
<i>Faecalibacterium</i>	11,5%
<i>Ruminococcus</i>	8,5%
<i>Blautia</i>	7,8%
<i>Holdemanella</i>	7,0%
<i>Catenibacterium</i>	6,6%
<i>Hungatella</i>	6,4%
<i>Bacteroides</i>	6,2%
<i>Dorea</i>	4,2%
<i>Prevotella</i>	4,1%
<i>Fusobacterium</i>	3,6%
<i>Bifidobacterium</i>	3,0%
<i>Clostridium</i>	2,8%
<i>Roseburia</i>	2,7%
<i>Subdoligranulum</i>	0,8%

<i>Barnesiella</i>	0,7%
<i>Anaerostipes</i>	0,7%
<i>Alistipes</i>	0,5%
<i>Oribacterium</i>	0,4%
<i>Ruminiclostridium</i>	0,4%
<i>Phascolarctobacterium</i>	0,3%

Lista de espécies

<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	11,5%
<i>Eubacterium rectale</i>	10,7%
<i>Holdemanella biformis</i>	7,0%
<i>Fusobacterium mortiferum</i>	3,6%
<i>Dorea longicatena</i>	3,1%
<i>Ruminococcus lactaris</i>	2,0%
<i>Bacteroides dorei</i>	1,7%
<i>Bacteroides uniformis</i>	1,7%
<i>Bacteroides vulgatus</i>	1,4%
<i>Dorea formicigenerans</i>	1,1%
<i>Eubacterium hallii</i>	0,9%
<i>Bacteroides plebeius</i>	0,9%
<i>Barnesiella intestinhominis</i>	0,7%
<i>Roseburia hominis</i>	0,6%
<i>Bacteroides caccae</i>	0,5%

<i>Alistipes putredinis</i>	0,5%
<i>Ruminiclostridium siraeum</i>	0,4%
<i>Blautia obeum</i>	0,4%
<i>Phascolarctobacterium succinatutens</i>	0,3%



Solicitação

Cliente: Paciente Exemplo

Data de Nascimento: –

Protocolo: 000-00000-0

Nº do pedido: 000000000000

Prescritor: Dr. Gustavo A. Campana

Teste

Teste: Microbioma Intestinal

Método: Sequenciamento de DNA de alto desempenho da região V3/V4 do gene 16S rRNA

Material: Swab de fezes em solução estabilizante (ZSample)

Liberação

Coleta realizada em: 23/08/2026

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:
 - Distensão abdominal.
- Escala de Bristol: Tipo 2.
- Condições diagnosticadas:
 - Hipertensão arterial sistêmica.
- Prática exercícios físicos (Musculação 3x/semana).
- Outros medicamentos e terapias: Dudasterida, Minoxil, Brasat (pressão).

Número do pedido: 000000000000.

Motivo de solicitação

Não informado.

Resultados

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.¹⁴

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

- Foi identificada a presença da espécie ***Fusobacterium mortiferum***: 3,6% [Intervalo de referência 0,0% – 0,0%]
 - A bactéria *F. mortiferum* (filo Fusobacteria) pertence ao gênero *Fusobacterium*, que possui bactérias consideradas patobiontes, com potencial de induzir processos inflamatórios.^{15,16}
 - Alguns estudos têm demonstrado que indivíduos com pólipos intestinais adenomatosos possuem maior abundância de *F. mortiferum* na microbiota intestinal.^{17, 18}
 - Além disso, outros estudos observaram a presença de *F. mortiferum* em amostras de biópsia de cólon de pacientes com Doença Inflamatória Intestinal¹⁹ e Câncer colorretal.^{20, 21}

Índice de Diversidade

O índice de diversidade indica a variedade e a abundância das bactérias. Em adultos, uma microbiota intestinal diversa é considerada saudável.²²

- Índice de diversidade (**Shannon**): 3,5 [Intervalo de referência 2,9 – 4,0]

Proporção entre os filos

- Foi identificada a presença do filo **Firmicutes**: 80,9% [Intervalo de referência 36,1% – 80,2%]
- Foi identificada a presença do filo **Bacteroidetes**: 11,5% [Intervalo de referência 13,8% – 54,8%]
- Razão **Firmicutes/Bacteroidetes**: 7,0 [Intervalo de referência 0,7 – 5,5]
 - A microbiota intestinal de indivíduos saudáveis apresenta predomínio de bactérias pertencentes aos filos Firmicutes (Bacillota²³) e Bacteroidetes (Bacteroidota²³)²². 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.^{24,25,26} Porém, desequilíbrios entre os filos também podem estar associados a condições como Doenças Inflamatórias Intestinais e Síndrome do Intestino Irritável.²⁷
- Foi identificada a presença do filo **Fusobacteria**: 3,6% [Intervalo de referência 0,0% – 0,0%]
 - O filo Fusobacteria (Fusobacteriota²³) possui bactérias consideradas patobiontes, com potencial de induzir processos inflamatórios. Algumas espécies possuem maior potencial de adesão, invasão e atividade pró-inflamatória.^{15,16}

- Foi identificada a presença do filo **Actinobacteria**: 3,0% [Intervalo de referência 0,0% – 4,7%]
 - O filo Actinobacteria (Actinomycetota²³) 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).¹⁰
- Foi identificada a presença do filo **Synergistetes**: 0,4% [Intervalo de referência 0,0% – 1,5%]
 - O filo Synergistetes (Synergistota²³) faz parte da microbiota humana em diferentes locais, como trato gastrointestinal, oral e vaginal, sugerindo que ele pode desempenhar um papel funcional. Porém, também pode atuar como patobionte na microbiota oral e em infecções extra-intestinais.^{28,29} Não há relatos consistentes sobre a função das bactérias deste filo na microbiota intestinal.
- Foi identificada a presença do filo **Proteobacteria**: 0,3% [Intervalo de referência 0,0% – 5,4%]
 - O filo Proteobacteria (Pseudomonadota²³) é comumente encontrado na microbiota intestinal de indivíduos saudáveis.^{22,30,31,32}

Interpretação dos resultados

- Dentre os resultados obtidos, destacamos:
 - Bactérias mais abundantes detectadas **acima** do intervalo de referência: *Eubacterium rectale*, *Holdemanella bififormis*, *Catenibacterium*.
 - Bactérias marcadoras de saúde intestinal:
 - Detectada dentro do intervalo de referência: *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bifidobacterium*, *Roseburia*.
 - Detectada **acima** do intervalo de referência: *Eubacterium rectale*.
 - Não detectada**: *Akkermansia muciniphila*.
 - Bactérias patogênicas, patobiontes e/ou pró-inflamatórias detectadas **acima** do intervalo de referência: *Fusobacterium mortiferum*.
 - Além disso, foi observado o aumento de bactérias comensais que não representam necessariamente uma alteração patológica.
 - Índice de diversidade bacteriana dentro do intervalo de referência.
 - Proporção entre os filos identificados:
 - Razão entre os filos Firmicutes/Bacteroidetes **acima** do intervalo de referência.
 - Proporção do filo Firmicutes **acima** do intervalo de referência.
 - Proporção do filo Bacteroidetes **abaixo** do intervalo de referência.
 - Proporção do filo Actinobacteria, Synergistetes, Proteobacteria dentro do intervalo de referência.
 - Proporção do filo Fusobacteria **acima** do intervalo de referência.

A interpretação dos resultados foi realizada levando em consideração a distribuição e o intervalo de referência específicos de cada faixa etária da população brasileira. 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

- 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.
- 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.
- Shin N-R, Kang W, Tak EJ, et al. *Blautia hominis* sp. nov., isolated from human faeces. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2018;68(4):1059–1064. doi:10.1099/ijsem.0.002623.
- Maturana JL, Cárdenas JP. Insights on the Evolutionary Genomics of the *Blautia* Genus: Potential New Species and Genetic Content Among Lineages. *Frontiers in Microbiology*. 2021;12. doi:10.3389/fmicb.2021.660920
- Nishiwaki H, Ito M, Hamaguchi T, et al. Short chain fatty acids-producing and mucin-degrading intestinal bacteria predict the progression of early Parkinson's disease. *npj Parkinson's Disease*. 2022;8(1). doi:10.1038/s41531-022-00328-5
- Liu X, Mao B, Gu J, et al. *Blautia*—a new functional genus with potential probiotic properties? *Gut Microbes*. 2021;13(1). doi:10.1080/19490976.2021.1875796
- Brahe LK, Le Chatelier E, Prifti E, et al. Specific gut microbiota features and metabolic markers in postmenopausal women with obesity. *Nutrition & Diabetes*. 2015;5(6):e159–e159. doi:10.1038/nutd.2015.9.
- Romaní-Pérez M, López-Almela I, Bullich-Vilarrubias C, et al. *Holdemanella bififormis* improves glucose tolerance and regulates GLP-1 signaling in obese mice. *The FASEB Journal*. 2021;35(7). doi:10.1096/fj.202100126r
- Barengolts E, Green SJ, Chlipala GE, et al. Predictors of Obesity among Gut Microbiota Biomarkers in African American Men with and without Diabetes. *Microorganisms*. 2019;7(9):320. doi:10.3390/microorganisms7090320.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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
- 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.
- 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.
- Liang S, Mao Y, Liao M, et al. Gut microbiome associated with APC gene mutation in patients with intestinal adenomatous polyps. *International Journal of Biological Sciences*. 2020;16(1):135–146. doi:10.7150/ijbs.37399.
- Wei P-L, Hung C-S, Kao Y-W, et al. Classification of Changes in the Fecal Microbiota Associated with Colonic Adenomatous Polyps Using a Long-Read Sequencing Platform. *Genes*. 2020;11(11):1374. doi:10.3390/genes11111374.
- Lee Y, Eun CS, Lee AR, Park CH, Han DS. *Fusobacterium* Isolates Recovered From Colonic Biopsies of Inflammatory Bowel Disease Patients in Korea. *Annals of Laboratory Medicine*. 2016;36(4):387–389. doi:10.3343/alm.2016.36.4.387



20. Kostic AD, Gevers D, Pedamallu CS, et al. Genomic analysis identifies association of *Fusobacterium* with colorectal carcinoma. *Genome Research*. 2011;22(2):292-298. doi:10.1101/gr.126573.111
21. Bi D, Zhu Y, Gao Y, et al. Profiling *Fusobacterium* infection at high taxonomic resolution reveals lineage-specific correlations in colorectal cancer. *Nature Communications*. 2022;13(1). doi:10.1038/s41467-022-30957-6
22. 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.
23. 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
24. 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
25. 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
26. 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.
27. 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.
28. Marchandin H, Damay A, Roudière L, et al. Phylogeny, diversity and host specialization in the phylum Synergistetes with emphasis on strains and clones of human origin. *Research in Microbiology*. 2010;161(2):91–100. doi:10.1016/j.resmic.2009.12.008.
29. Jumas-Bilak E, Marchandin H. The Phylum Synergistetes. *The Prokaryotes*. Published online 2014:931-954. doi:10.1007/978-3-642-38954-2_384
30. 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.
31. 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.
32. 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.

Sobre o teste

O Microbioma Intestinal é um teste molecular para a identificação da composição da microbiota a partir das fezes. A microbiota do intestino humano é uma complexa comunidade de microrganismos que atua na manutenção de funções fisiológicas e vem sendo descrita pela comunidade científica como componente importante para a saúde humana.

Esse teste identifica as bactérias que compõem a microbiota 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 bactérias.

Esse teste não deve ser utilizado como única ferramenta diagnóstica para condições de saúde e não substitui tratamentos e/ou de consultas periódicas aos profissionais de saúde. A interpretação dos resultados do teste 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 v_2 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, parâmetro do perfil inflamatório possui novas classificações e descontinuação do status de conclusão.

Consulte sempre o seu profissional de saúde.

Direitos Autorais Reservados®