Sequenciamento Genético de **Microbiota Intestinal**

bioma
MICROBIOME & GENETICS EXPERTS

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

SEQUENCIAMENTO GENÉTICO DE MICROBIOTA INTESTINAL

LAUDO RESUMO

	INDICADORES	RESULTADO	REFERÊNCIA	INDICADOR
1	**FILO**			
	Abundância | Indicador F+B	97,50%	Entre 85% e 95%	🔴
	Proporção | Indicador F/B	0,26%	Entre 0,7 e 1,0	🔴
2	**GÊNERO**			
	DIVERSIDADE	3,83	Maior que 7	🔴
	DISTRIBUIÇÃO	Inadequada	Adequado	🔴
3	**ESPÉCIE**			
	RIQUEZA	144	Maior que 400	🔴
	BACTÉRIAS PROTETORAS			
	Akkermansia muciniphila	0,01%	Entre 1% a 5%	🔴
	Eubacterium rectale	0,00%	Entre 1% a 13%	🔴
	Faecalibacterium prausnitzii	0,04%	Entre 5% a 15%	🔴
	Bifidobacterium spp	0,00%	Entre 1% a 6%	🔴
	ESPÉCIES PATOGÊNICAS			
	Bacteroides fragilis	0,01%	Referência <0,5%	🟢
4	**PERFIL DA COMPOSIÇÃO DA MICROBIOTA INTESTINAL**			
	Doenca Crohn, Síndrome do intestino irritável tipo diarreico e Depressão	Inconclusiva	Incompatível	🟡
	ACHADOS ATÍPICOS			
	Bacteroides dorei	9,62%	-	🟡
	Bilophila wadsworthia	0,17%	Desejável: <0,1%	🔴
	Paraprevotella clara	19,50%	-	🟡
	Acidaminococcus intestini	14,39%	-	🟡
	Bacteroides stercoris	11,71%	-	🟡

CRBM: 15771SP - BIOMÉDICO RESPONSÁVEL: DR. RAFAEL MALAGOLI
Os dados contidos neste relatório necessitam de correlação clínica e laboratorial para interpretação e uso na prática clínica. Consulte sempre o seu profissional de saúde.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

SEQUENCIAMENTO GENÉTICO DE MICROBIOTA INTESTINAL

LAUDO COMENTADO

1. ANÁLISE DE FILO

A. ABUNDÂNCIA | Indicador Firmicutes + Bacteroidetes

Resultado: 97,50 %
Desejável: Entre 85% e 95%
Classificação: Inadequada

FILO	PORCENTAGEM	CLASSIFICAÇÃO
Bacteroidetes	77,16%	🔴
Firmicutes	20,34%	🔴
Proteobacteria	2,43%	🟢

LEGENDA: 🟢 Adequado 🟡 Atípico 🔴 Inadequado

INTERPRETAÇÃO:

FIRMICUTES

Verificado baixo percentual de Firmicutes.

BACTEROIDETES

Elevado percentual de Bacteroidetes. Filo composto por bactérias gram-negativas que estão associadas à imunomodulação. Bacteroidetes possuem componentes celulares como lipopolissacarídeos e flagelina, que interagem com os receptores celulares e estimulam a síntese de citocinas e associam-se a condições inflamatórias. No entanto, estudos mostram relação com condições benéficas, tais como a perda de peso e biotipos magros.

VERRUCOMICROBIA

Verificado baixo percentual de Verrucomicrobia. Percentuais reduzidos desse filo podem favorecer o aumento da permeabilidade intestinal.

ACTINOBACTERIA

Verificado baixo percentual de Actinobacteria. Filo potencialmente benéfico, por estar associado a produção de ácidos graxos de cadeia curta.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

1. ANÁLISE DE FILO

B. PROPORÇÃO | Indicador Firmicutes/Bacteroidetes

Resultado: 0,26 %
Desejável: Entre 0,7 e 1,0
Classificação: Inadequada

Firmicutes:

Bacteroidetes:

INTERPRETAÇÃO:

- Indicador F/B fora da faixa desejável devido ao alto percentual de Bacteroidetes e baixo percentual de Firmicutes.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

2. ANÁLISE DE GÊNERO

A. DIVERSIDADE | Índice de Simpson

Resultado: 3,83
Padrão de referência: Maior que 7
Classificação: Inadequado

INTERPRETAÇÃO:

Diversidade microbiana abaixo do valor desejável. Baixos valores deste indicador se correlacionam com o aumento de doenças metabólicas e inflamatórias além de possivelmente representar uma fragilidade imunológica. Uma microbiota diversificada é mais resiliente a mudanças e distúrbios, como infecções, dieta desequilibrada ou uso de antibióticos. Essa resiliência ajuda a prevenir o estabelecimento de patógenos oportunistas.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

2. ANÁLISE DE GÊNERO

B. DISTRIBUIÇÃO

GÊNERO	FILO	PERCENTUAL ENCONTRADO	CLASSIFICAÇÃO
Bacteroides	Bacteroidetes	50,70%	🔴
Paraprevotella	Bacteroidetes	19,56%	🟡
Acidaminococcus	Firmicutes	14,59%	🟡
Parabacteroides	Bacteroidetes	2,42%	🟢
Phascolarctobacterium	Firmicutes	2,25%	🟢
Alistipes	Bacteroidetes	1,38%	🟢
Clostridium_XIVa	Firmicutes	0,86%	🟢
Sutterella	Proteobacteria	0,85%	🟢
Barnesiella	Bacteroidetes	0,77%	🟢
Clostridium	Firmicutes	0,66%	🟢

LEGENDA: 🟢 Adequado 🟡 Atípico 🔴 Inadequado

Classificação: Inadequada

INTERPRETAÇÃO:

ACIDAMINOCOCCUS

Percentual atípico de Acidaminococcus. O gênero gram-negativo pertencente a família Veillonellaceae e filo Firmicutes. Apesar de não serem relatados os percentuais adequados deste gênero no intestino humano, estudos apontam que a abundância desse gênero pode ser associada à Rosácea, obesidade e déficits de crescimento em crianças. No paciente oncológico, o aumento deste gênero foi observado em pacientes com tumores sólidos com eventos adversos relacionados ao sistema imunológico.

BACTEROIDES

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

Elevados percentuais de Bacteroides. Gênero gram-negativo pertencente ao filo Bacteroidetes que representa um dos principais grupos bacterianos da microbiota intestinal humana, com percentuais aceitáveis de até 25%. Altos níveis de Bacteroides são associados à redução da diversidade do microbioma (redução de outras espécies benéficas), e o consumo de dieta industrializada composta por altos níveis de açúcar, proteína animal e consumo de gordura. Estudos têm relacionado altos percentuais de Bacteroides com doença inflamatória intestinal, doença celíaca, apendicite, resistência à antibioticos e abcessos intra-abdominais.

PARAPREVOTELLA

Percentual atípico de Paraprevotella. Gênero composto de bactérias anaeróbicas pertencentes à família Prevotellaceae. Embora não seja sido descrito na literatura o percentual desejável deste gênero na microbiota intestinal humana, níveis aumentados de Paraprevotella foram associados à condições inflamatórias e autoimunes, como depressão, doenças cardíacas, hipotireoidismo a doença de Behcet.

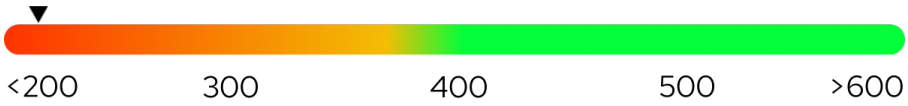
Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

A. RIQUEZA

Resultado: 144
Desejável: Maior que 400
Classificação: Inadequada



INTERPRETAÇÃO:

Encontrada riqueza microbiana abaixo do desejável. A riqueza microbiana representa o número das diferentes espécies que fazem parte da microbiota intestinal. Níveis adequados deste índice são característicos de saúde e estabilidade intestinal, pois a variedade bacteriana tende a fornecer um repertório microbiano apto a produzir respostas fisiológicas adequadas.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

B. PRESENÇA DE ESPÉCIES PROTETORAS

I. AKKERMANSIA MUCINIPHILA

Resultado: 0,01 %
Desejável: Entre 1% a 5%
Classificação: Inadequada

INTERPRETAÇÃO:

Verificado baixo percentual de Akkermansia muciniphila. A. muciniphila é uma bactéria gram-negativa que se alimenta de mucina, um componente do muco que reveste o trato gastrointestinal que atua no equilíbrio da permeabilidade intestinal. Quando presente em níveis adequados esta espécie bacteriana tem demonstrado potencial papel anti-inflamatório, além de associada a vários benefícios para a saúde, incluindo a manutenção da integridade da barreira intestinal, a regulação do metabolismo e a modulação do sistema imunológico.

II. EUBACTERIUM RECTALE

Resultado: 0,00 %
Desejável: Entre 1% a 13%
Classificação: Inadequada

INTERPRETAÇÃO:

Verificada ausência de Eubacterium rectale. Bactéria gram-positiva capaz de produzir butirato, um ácido graxo de cadeia curta. Eubacterium rectale possui propriedades anti-inflamatórias e coloniza preferencialmente a camada de muco intestinal, aumentando assim a biodisponibilidade do butirato para os colonócitos epitéliais que contribui para a manutenção da integridade da barreira intestinal. A redução na abundância dessa bactéria foi observada em pacientes com doenças inflamatórias e autoimunues, incluindo as doenças inflamatórias intestinais, psoríase, depressão, câncer colorretal e COVID-19.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

B. PRESENÇA DE ESPÉCIES PROTETORAS (continuação)

III. FAECALIBACTERIUM PRAUSNITZII

Resultado: 0,04 %
Desejável: Entre 5% a 15%
Classificação: Inadequada

INTERPRETAÇÃO:

Verificado reduzido percentual de Faecalibacterium prausnitzii. Essa bactéria é produtora de butirato, um ácido graxo de cadeia curta que serve como fonte de energia para as células do cólon, que contribui para a integridade da barreira intestinal e possui propriedades anti-inflamatórias. Faecalibacterium prausnitzii tem sido considerado biomarcador de saúde intestinal e geral, e seus percentuais inadequados (redução ou aumento) podem favorecer processos inflamatórios e/ou alérgicos.

IV. BIFIDOBACTERIUM SPP

Resultado: 0,00 %
Desejável: Entre 1% a 6%
Classificação: Inadequada

INTERPRETAÇÃO:

Verificada ausência de Bifidobacterium spp. Este gênero bacteriano está entre as primeiras bactérias a colonizar o trato gastrointestinal humano, que exercem benefícios positivos à saúde de seu hospedeiro por meio de suas atividades metabólicas e produção de ácidos graxo de cadeia curta promotores da saúde intestinal. Reduzidos percentuais desse gênero benéfico tem sido associado a disbiose intestinal, úlcera gástrica e doenças inflamatórias intestinais.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

C. PRESENÇA DE ESPÉCIES PATOGÊNICAS

BACTÉRIAS PATOGÊNICAS	RESULTADO	REFERÊNCIA	CLASSIFICAÇÃO
1 *Bacteroides fragilis*	0,01%	Referência <0,5%	●
2 *Campylobacter jejuni*	Não detectado	Não especificada	●
3 *Chlamydia trachomatis*	Não detectado	Não especificada	●
4 *Chlamydophila pneumoniae*	Não detectado	Não especificada	●
5 *Chlamydophila psittaci*	Não detectado	Não especificada	●
6 *Clostridium botulinum*	Não detectado	Não especificada	●
7 *Clostridium difficile*	Não detectado	Não especificada	●
8 *Corynebacterium diphtheriae*	Não detectado	Não especificada	●
9 *Ehrlichia chaffeensis*	Não detectado	Não especificada	●
10 *Enterococcus faecalis*	Não detectado	Não especificada	●
11 *Enterococcus faecium*	Não detectado	Não especificada	●
12 *Escherichia coli*	Não detectado	Não especificada	●
13 *Fusobacterium nucleatum*	Não detectado	Não especificada	●
14 *Gardnerella spp*	Não detectado	Não especificada	●
15 *Helicobacter pylori*	Não detectado	Não especificada	●
16 *Klebsiella pneumoniae*	Não detectado	Não especificada	●
17 *Legionella pneumophila*	Não detectado	Não especificada	●
18 *Pseudomonas aeruginosa*	Não detectado	Não especificada	●
19 *Rickettsia rickettsii*	Não detectado	Não especificada	●
20 *Salmonella spp*	Não detectado	Não especificada	●
21 *Serratia marcescens*	Não detectado	Não especificada	●
22 *Shigella dysenteriae*	Não detectado	Não especificada	●
23 *Shigella sonnei*	Não detectado	Não especificada	●

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

BACTÉRIAS PATOGÊNICAS	RESULTADO	REFERÊNCIA	CLASSIFICAÇÃO
24 *Staphylococcus aureus*	Não detectado	Não especificada	●
25 *Streptococcus agalactiae*	Não detectado	Não especificada	●
26 *Streptococcus pneumoniae*	Não detectado	Não especificada	●
27 *Streptococcus pyogenes*	Não detectado	Não especificada	●
28 *Streptococcus viridans*	Não detectado	Não especificada	●
29 *Vibrio cholerae*	Não detectado	Não especificada	●
30 *Yersinia pestis*	Não detectado	Não especificada	●

LEGENDA: ● Adequado ● Atípico ● Inadequado

Classificação: Adequada

INTERPRETAÇÃO:

BACTEROIDES FRAGILIS

Bactéria gram-negativa potencialmente patógena encontrada em quantidade clinicamente não significativa. Embora desempenhe um papel importante no trato gastrointestinal, participando da digestão e na modulação do sistema imunológico, sob certas condições, elevados percentuais de B. fragilis tem sido observados em infecções e diarreia inflamatória. Além disso, a exposição crônica dessa espécie no epitélio intestinal pode induzir o processo inflamatório capaz de promover o desenvolvimento de tumores no cólon. Dessa maneira altos percentuais desta bactéria demandam atenção.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

4. PERFIL DA COMPOSIÇÃO DA MICROBIOTA INTESTINAL

Foi realizada pesquisa de perfil para as seguintes doenças:

DOENCA CROHN

INDICADOR	STATUS
Redução de diversidade microbiana	Encontrado
Redução de riqueza microbiana	Encontrado
Redução de Lactobacillus	Encontrado
Aumento de Fusobacterium	Não Encontrado
Redução de Faecalibacterium prausnitzii	Encontrado
Aumento de Proteobacteria	Não Encontrado
Aumento de Actinobacteria	Não Encontrado
Aumento de Escherichia (Escherichia coli)	Não Encontrado

Resultado: Inconclusiva

INTERPRETAÇÃO:

O conjunto das características encontradas são inconclusivas (parcialmente compatíveis) com o perfil da composição microbiana para Doença de Crohn (condição relatada em anamnese clínica). Indispensável a avaliação da história clínica do paciente para fins diagnósticos.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

SÍNDROME DO INTESTINO IRRITÁVEL TIPO DIARREICO

INDICADOR	STATUS
Redução de diversidade microbiana	Encontrado
Redução de riqueza microbiana	Encontrado
Redução de Firmicutes	Encontrado
Redução de Actinobacteria	Encontrado
Redução de Verrucomicrobia	Encontrado
Aumento de Proteobacteria	Não Encontrado
Redução de Akkermansia muciniphila	Encontrado
Aumento de Ruminococcus gnavus	Não Encontrado

Resultado: Inconclusiva

INTERPRETAÇÃO:

O conjunto das características encontradas são inconclusivas (parcialmente compatíveis) com o perfil da composição microbiana para síndrome do intestino irritável tipo diarreico (condição relatada em anamnese clínica). Indispensável a avaliação da história clínica do paciente para fins diagnósticos.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

DEPRESSÃO

INDICADOR	STATUS
Redução de diversidade microbiana	Encontrado
Redução de riqueza microbiana	Encontrado
Redução de Firmicutes	Encontrado
Aumento de Bacteroidetes	Encontrado
Aumento de Proteobacteria	Não Encontrado
Redução de Faecalibacterium	Encontrado
Redução de Ruminococcus	Encontrado
Aumento de Bacteroides	Encontrado
Aumento de Alistipes	Não Encontrado

Resultado: Inconclusiva

INTERPRETAÇÃO:

O conjunto das características encontradas são inconclusivas (parcialmente compatíveis) com o perfil da composição microbiana para depressão (condição relatada em anamnese clínica). Indispensável a avaliação da história clínica do paciente para fins diagnósticos.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

5. ACHADOS ATÍPICOS

ESPÉCIES ATÍPICAS	RESULTADO	REFERÊNCIA	CLASSIFICAÇÃO
Bacteroides dorei	9,62%	Não descrito	🟡
Bilophila wadsworthia	0,17%	Desejável: <0,1%	🔴
Ruminococcus gnavus	0,03%	Desejável: <0,5%	🟢
Paraprevotella clara	19,50%	Não descrito	🟡
Acidaminococcus intestini	14,39%	Não descrito	🟡
Bacteroides stercoris	11,71%	Não descrito	🟡

LEGENDA: 🟢 Adequado 🟡 Atípico 🔴 Inadequado

INTERPRETAÇÃO:

BILOPHILA WADSWORTHIA

Bactéria gram-negativa redutora de sulfito, metabólito que compromete a barreira intestinal. O elevado percentual de Bilophila wadsworthia é associado a dietas ricas em proteínas e gorduras de origem animal, e condições inflamatórias como a distensão abdominal e síndrome do intestino irritável.

BACTEROIDES DOREI

Bactéria gram-negativa anaeróbica, produtora de LPS e citocinas pró-inflamatórias associada à doenças autoimunes e imunomediadas, insuficiência cardíaca e elevada propensão a DM1 em crianças.

ACIDAMINOCOCCUS INTESTINI

Bactéria anaeróbica gram-negativa que pertence ao filo Firmicutes associada ao consumo de dieta pró-inflamatória, e a produção de TNF▌ estimulada por LPS. Abundância dessa bactéria foi observada em condições clínicas como obesidade, diabetes tipo 2 e risco de doenças cardiovasculares.

BACTEROIDES STERCORIS

Bactéria gram-negativa pertencente ao filo Bacteroidetes associada a condições inflamatórias, como diabetes do tipo 1, colite ulcerativa e a resistência à antibioticoterapia, especialmente ao metronidazol.

PARAPREVOTELLA CLARA

Bactéria gram-positiva associada a condições inflamatória e autoimunes (VKH e Behcet's disease).

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

6. CONCLUSÃO DO EXAME

Disbiose caracterizada por:

- Distorção de filo com alto percentual de Bacteroidetes e baixo percentual de Firmicutes, Verrucomicrobia e Actinobacteria.
- Diversidade microbiana abaixo do desejável.
- Elevado percentual do gênero Bacteroides, e atípico percentual de Acidaminococcus e Paraprevotella.
- Riqueza microbiana abaixo do desejável.
- Baixo percentual de Akkermansia muciniphila.
- Baixo percentual de Faecalibacterium prausnitzii.
- Ausência de Eubacterium rectale.
- Ausência de Bifidobacterium spp.
- Presença de bactérias atípicas associadas a condições inflamatórias/autoimunes.
- Assinatura microbiana inconclusiva (parcialmente compatível) com Doenca Crohn, Síndrome do intestino irritável tipo diarreico e Depressão, condições relatadas em anamnese clínica.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

INFORMAÇÕES TÉCNICAS PARA REALIZAÇÃO DO EXAME

Análise de qualidade do teste	
Qualidade da Amostra	Aprovada
Qualidade do sequenciamento	Aprovada

METODOLOGIA

- A caracterização da microbiota intestinal de cada paciente obedece ao seguinte processo: primeiro, a amostra é processada para obtenção do DNA de todas as bactérias que estão presentes na amostra.
- Após a quantificação e análise de qualidade, o DNA é submetido a amplificação do gene 16S rRNA.
- O sequenciamento é realizado através da técnica de Sequenciamento de Nova Geração (NGS) (Massivo Paralelo) da microbiota intestinal do genes 16S (região V4) utilizando o sequenciador da plataforma Illumina, Inc.
- A classificação taxonômica é realizada através do aplicativo 16S Metagenomics (Illumina, Inc) utilizando o RefSeq Databank. Bactérias com cobertura de até 0,001% do total de leituras estão representadas neste laudo.

Qualidade da amostra analisada	
Total de leituras	38907
Leituras aprovadas no controle de qualidade	38907
Total de leituras	100,00%

NÍVEL TAXONÔMICO	LEITURAS CLASSIFICADAS	PERCENTUAL DE LEITURAS
Reino	38907	100,00%
Filo	38899	99,98%
Classe	38817	99,77%
Ordem	38817	99,77%
Família	38393	98,68%
Gênero	38307	98,46%
Espécie	33091	85,05%

NOTAS:

- Os resultados desse exame devem ser interpretados em associação com os dados clínicos e laboratoriais da paciente.
- A interpretação e análise desse exame refletem o conhecimento científico atual e pode ser alterada de acordo com a atualização da literatura.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

ANÁLISE DE FUNGOS

CANDIDA ALBICANS	COMENTÁRIO
Resultado: Presente **Desejável:** Ausente	Espécie fúngica reconhecida como patógeno oportunista. Elevados percentuais na microbiota intestinal têm sido associados ao tratamento com antibióticos, e problemas de saúde, como distúrbios digestivos (gases e diarreia), psicológicos (ansiedade, perda de memória, depressão) e infecções bacterianas.

MALASSEZIA RESTRICTA	COMENTÁRIO
Resultado: Presente **Desejável:** Ausente	Espécie fúngica comensal pertencente a microbiota intestinal e da pele. Elevados percentuais na microbiota intestinal, tem sido associados a processos inflamatórios relacionados às doenças inflamatórias intestinais e lesões hepáticas.

SACCHAROMYCES CEREVISIAE	COMENTÁRIO
Resultado: Ausente **Desejável:** Ausente	Espécie fúngica comumente encontrada no intestino, capaz de produzir ácido úrico pelo epitélio intestinal, levando à diminuição da função de barreira intestinal e ao aumento da colite em modelos animais. Em humanos, tem sido associada à presença de processos inflamatórios e doenças inflamatórias intestinais.

INFORMAÇÕES TÉCNICAS PARA REALIZAÇÃO DO EXAME

Análise de qualidade do teste	
Qualidade da Amostra	Aprovada
Qualidade do sequenciamento	Aprovada

METODOLOGIA

- Primeiro, a amostra de fezes é processada para obtenção de DNA fúngico.
- Após quantificação e análise de qualidade, o DNA é submetido ao processo de amplificação por PCR em Tempo Real (RT-PCR) utilizando sondas TaqMan especificas para os fungos analisados.
- Foi considerado como presente na amostra, o alvo que apresentou amplificação na técnica de RT-PCR em ciclagem inferior a 35,99.

Nota: Os resultados devem interpretados de acordo com achados clínicos e laboratoriais do paciente.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

SUPORTE TÉCNICO CIENTÍFICO AO PROFISSIONAL

As recomendações aqui contidas têm caráter de sugestão de prescrição. As informações foram concebidas baseadas no perfil de microbiota intestinal através do exame de sequenciamento genético. Não devem ser utilizadas sem o acompanhamento de um profissional de saúde habilitado.

1. SUGESTÕES DIETÉTICAS

O QUE INCLUIR?
Dieta mediterrânea (rica em ômega 3): rica em peixes, azeite, castanhas
Fibras solúveis: aveia, psyllium e goma acácia.
Polifenóis: cravo, anis, chocolate amargo e chá verde.
Elagitaninas: morango e mirtilo.
Riboflavina (Vit. B2): vegetais folhosos como couve, espinafre, agrião, ovos, carne e leite.
Açafrão

O QUE EVITAR?
Dieta rica em gordura animal (carnes gordurosas e laticínios integrais)
Dieta rica em adoçantes artificiais ou açúcares refinados

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

SUPORTE TÉCNICO CIENTÍFICO AO PROFISSIONAL

As recomendações aqui contidas têm caráter de sugestão de prescrição. As informações foram concebidas baseadas no perfil de microbiota intestinal através do exame de sequenciamento genético. Não devem ser utilizadas sem o acompanhamento de um profissional de saúde habilitado.

2. SUGESTÕES DE SUPLEMENTAÇÃO

A) NUTRACÊUTICOS E COMPOSTOS BIOATIVOS
Capsaicina
Ômega 3
Vitamina D
Resveratrol
Curcumina

Obs: de acordo com a prescrição do médico e/ou nutricionista

B) FIBRAS PREBIÓTICAS	
ASSOCIAÇÃO	Goma acácia
DOSAGEM	3-5g/dia - avaliar consumo de fibras totais da dieta. Obs. verificar a tolerância do paciente.
POSOLOGIA	Dose total administrada 1 ou 2x ao dia.
HORÁRIO	Conforme tolerância do paciente, preferencialmente fora do horário de consumo de alimentos quentes ou ácidos. Caso esteja em uso de antibioticoterapia, fazer intervalo de 2 horas antes ou após o medicamento. Obs: ou de acordo com a prescrição do médico e/ou nutricionista.
DURAÇÃO	Mínimo por 6 meses. Reavaliar após 3 meses para ajuste se necessário; verificar a tolerância do paciente.

Paciente: FAKE NOME PACIENTE
Data de nascimento: 01/10/1955
Prescritor: FAKE NOME
Idade: 68 anos
Peso: 90,00 Kg **Altura:** 1.89

Protocolo: 123456789
Data da coleta: 05/05/2024
Recebimento da amostra em: 20/06/2024
Liberado em: 26/07/2024
Tipo de amostra: Fezes

SUPORTE TÉCNICO CIENTÍFICO AO PROFISSIONAL

As recomendações aqui contidas têm caráter de sugestão de prescrição. As informações foram concebidas baseadas no perfil de microbiota intestinal através do exame de sequenciamento genético. Não devem ser utilizadas sem o acompanhamento de um profissional de saúde habilitado.

2) SUGESTÕES DE SUPLEMENTAÇÃO

C. PROBIÓTICOS VIA ORAL

ESPÉCIES	DOSAGEM
Bifidobacterium adolescentis	3 bilhões UFC/dia
Bifidobacterium infantis	3 bilhões UFC/dia
Bifidobacterium lactis	3 bilhões UFC/dia
Bifidobacterium longum	4 bilhões UFC/dia
Lactobacillus paracasei	4 bilhões UFC/dia
Lactobacillus plantarum	3 bilhões UFC/dia
Lactobacillus reuteri	3 bilhões UFC/dia
Lactobacillus rhamnosus	3 bilhões UFC/dia
Total	26 bilhões UFC/dia

ESPÉCIES A EVITAR
Não há espécies a evitar para este caso.

DOSAGEM	igual ou maior que 20 bilhões UFC/dia
POSOLOGIA	1 cápsula 1x ao dia
HORÁRIO	Conforme tolerância da paciente/ de acordo com a prescrição do médico e/ou nutricionista.
DURAÇÃO	Mínimo por 6 meses. Reavaliar após 3 meses para ajuste, se necessário de acordo com a prescrição do médico e/ou nutricionista.

LISTA DE BACTERIAS

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Paraprevotella	clara	7588	19,51%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Acidaminococcus	intestini	5600	14,40%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	stercoris	4556	11,71%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides		3862	9,93%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	dorei	3742	9,62%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	massiliensis	3709	9,54%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	uniformis	2441	6,28%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	faecium	867	2,23%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Parabacteroides	distasonis	684	1,76%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	thetaiotaomicron	652	1,68%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	onderdonkii	448	1,15%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales				343	0,88%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium_XIVa		334	0,86%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	wadsworthensis	328	0,84%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	vulgatus	314	0,81%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Barnesiella		298	0,77%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Parabacteroides	merdae	257	0,66%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	finegoldii	241	0,62%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Butyricimonas	paravirosa	234	0,60%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae	Pseudopedobacter	saltans	230	0,59%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Oscillibacter		218	0,56%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	bolteae	216	0,56%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	pacaense	211	0,54%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Coprobacter		170	0,44%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella		111	0,29%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	rodentium	105	0,27%
Bacteria	Bacteroidetes						82	0,21%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales				77	0,20%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Acidaminococcus		73	0,19%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Bilophila	wadsworthia	67	0,17%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Flavonifractor	plautii	61	0,16%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Comamonadaceae	bacterium	46	0,12%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus	torques	44	0,11%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	shahii	38	0,10%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae			35	0,09%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	indistinctus	32	0,08%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	intestinalis	31	0,08%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	xylanisolvens	28	0,07%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus	torques(176604)	26	0,07%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae			23	0,06%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Paraprevotella		21	0,05%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Schlegelella		21	0,05%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	acidifaciens	20	0,05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Pseudobacteroides		17	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Mediterranea	massiliensis	17	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Coprobacter	fastidiosus	17	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Butyricimonas		17	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes		16	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Faecalibacterium	prausnitzii	15	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Subdoligranulum	variabile	15	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	caecimuris	14	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	caecimuris	13	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	copri	13	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Flintibacter	butyricus	13	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus	gnavus	12	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae			12	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	scindens	12	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	viride	11	0,03%
Bacteria							8	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	aldenense	8	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus		7	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Phocea	massiliensis	7	0,02%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	aerofaciens	7	0,02%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae			6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Drancourtella	massiliensis	6	0,02%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	Rhizobacter		6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	luti	6	0,02%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella		5	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidetes_incertae_sedis	Unclassified	Unclassified	Marinifilum		5	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium		5	0,01%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Eggerthella		5	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae			5	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales				4	0,01%

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium_IV		4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Anaerotruncus	colihominis	4	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella		4	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Caldimonas		4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	bromii	3	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Massiliprevotella	massiliensis	3	0,01%
Bacteria	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Akkermansia	muciniphila	3	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	finegoldii	3	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	helcogenes	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Anaeromassilibacillus	senegalensis	3	0,01%
Bacteria	Candidatus_Saccharibacteria	Unclassified	Unclassified	Unclassified	TM7	phylum	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia	faecis	3	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Nitrosomonadales	Nitrosomonadaceae	Nitrosomonas		3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnoanaerobaculum	umeaense	3	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	eggerthii	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	lactatifermentans	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	caccae	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	stercorea	2	0,01%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella		2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	leptum	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae			2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	heparinolyticus	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	succinatutens	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	glycyrrhizinilyticum	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Dialister	succinatiphilus	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	fragilis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eisenbergiella	massiliensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Acetivibrio	ethanolgignens	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Acidaminococcus	fermentans	2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Fodinicurvata		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Veillonella	rodentium	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Veillonella	atypica	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	methylpentosum	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Parasutterella	excrementihominis	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	rava	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	wexlerae	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Winogradskyella	psychrotolerans	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Pseudoflavonifractor	phocaeensis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lactobacillus	rogosae	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Chitinophagaceae			1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Gordonibacter		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	ventriosum	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	eligens	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	thetaiotaomicron(nr_112142.1)	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Coprococcus	eutactus	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	faecis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Dorea	longicatena	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Cronobacter		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Gemmiger	formicilis	1	0,00%
Bacteria	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	mortiferum	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae			1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Coprococcus	comes	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XII	Guggenheimella	bovis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_2	Alkaliphilus		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	ruminantium	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	citroniae	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Fusicatenibacter	saccharivorans	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	coprostanoligenes	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligenaceae	Advenella	faeciporci	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	obeum	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Odoribacter		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Caproiciproducens	galactitolivorans	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Gracilibacteraceae			1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Intestinimonas	butyriciproducens	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	cellulosolvens	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Unclassified	Natranaerovirga	hydrolytica	1	0,00%
Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	Gemmatimonas		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_1	Clostridium	chartatabidum	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Barnesiella	intestinihominis	1	0,00%