myBIOME

Análise funcional baseada na evidência do microbioma intestinal

O que é o myBIOME ?

O my**BIOME** é um teste de sequenciação metagenómica que permite elaborar um **estudo exaustivo, objetivo e prático do microbioma intestinal,** fornecendo informações detalhadas sobre os microorganismos que povoam o intestino e sua respetiva funcionalidade, o impacto que têm na saúde, e ainda como alcançar um equilíbrio através de recomendações nutricionais personalizadas.

Evidências científicas

my**BIOME** permite realizar uma análise do microbioma intestinal através de sequenciação metagenómica. Utilizando a tecnologia NGS (Sequenciação de Nova Geração, do inglês *Next-Generation Sequencing*) é sequenciado todo o material genético (DNA) da população microbiana que reside no intestino, permitindo assim **estudar os genomas coletivos e obter sequências de todos os microorganismos que compõem o ecossistema intestinal.**

A TECNOLOGIA MAIS AVANÇADA
COMBINADA COM RECOMENDAÇÕES PERSONALIZADAS FAZEM DO myBIOME UM TESTE ÚNICO NO MERCADO

Por que motivo deve escolher myBIOME ?

SEQUENCIAÇÃO METAGENÓMICA myBIOME™	SEQUENCIAÇÃO RNAr 16S/PCR
Analisa todo o **material genético (DNA)** presente na amostra, permitindo uma deteção mais sensível dos microorganismos que a compõem.	**Permite selecionar e ampliar** uma pequena porção do RNA ribossómico 16S presente nas bactérias.
Deteta todas as espécies presentes com uma **abundância relativa superior a 0,01%.**	**RNAr 16S:** consegue detetar uma quantidade muito reduzida de microorganismos ao nível da espécie.
Cobertura de alta resolução: identificação taxonómica de todos os microorganismos presentes até ao nível da espécie.	**RNAr 16S:** baixa resolução, identificação taxonómica até ao nível do género. Não deteta espécies/subespécies. **PCR:** de alta resolução, mas de cobertura limitada ao detetar organismos alvo pré-estabelecidos.
Permite identificar **novas espécies anteriormente desconhecidas.**	Não deteta novas espécies.
Permite detetar **bactérias, *archaeas*, fungos e protistas.**	**RNAr 16S:** só deteta bactérias. **PCR:** consegue detetar bactérias, fungos, protistas e vírus de uma forma orientada.
Permite identificar o potencial funcional dos microorganismos (de acordo com a **abundância genética**).	Não disponibiliza informações sobre a **funcionalidade dos microorganismos presentes.**
Permite definir padrões alimentares personalizados para compensar **as funções microbianas alteradas.**	Não permite determinar as funções microbianas.

Vantagens

A utilização da sequenciação metagenómica para análise da microbiota intestinal **oferece várias vantagens** relativamente aos testes baseados na sequenciação do gene 16S ou na RT-PCR/Cultura.

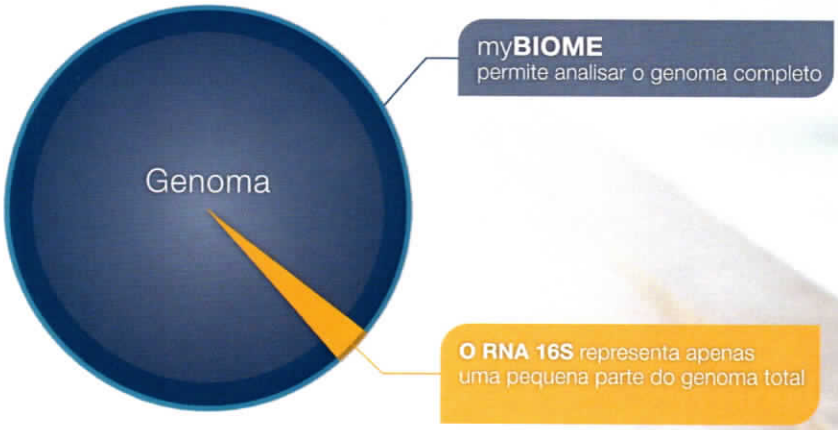
ESTRATÉGIA METAGENÓMICA:

A análise convencional das populações bacterianas por amplificação do gene **de RNA ribossómico 16S (RNAr 16S)** tem por base a amplificação das regiões hipervariáveis do gene RNAr 16S, através de iniciadores que amplificam este fragmento na maioria das bactérias presentes numa amostra. As sequências amplificadas são depois comparadas e são estabelecidas as relações filogenéticas entre os organismos detetados. Apesar desta técnica ter sido exaustivamente melhorada, **não permite detetar microrganismos que sofreram alterações na zona de fixação dos iniciadores[1], razão pela qual estas bactérias são tecnicamente "invisíveis" e escapam à análise[2].**

Além desta limitação, o gene RNAr 16S representa apenas uma pequena parte de todo o genoma de uma bactéria, o que torna difícil qualquer tipo de análise que não a da classificação filogenética.

Comparativamente com os estudos convencionais do microbioma com base na análise do RNAr 16S, o my**BIOME permite a deteção de todos os genes presentes nos microorganismos da amostra graças à utilização de técnicas de sequenciação metagenómica**, evitando assim o desvio de amplificação e facilitando a listagem completa de todos os genes presentes nos organismos[3]. **Esta estratégia permite uma análise de grande profundidade, fornecendo não só informações sobre a totalidade das bactérias presentes até ao nível taxonómico da espécie e da subespécie**, mas também sobre outros microorganismos presentes na amostra como os **fungos, *archaeas*, leveduras e parasitas.**

Para além da identificação, a metagenómica permite a caracterização e quantificação dos genes funcionais, o que fornece informações sobre as funções dos microorganismos presentes na amostra.



ALTA RESOLUÇÃO:

Outra característica de diferenciação da tecnologia utilizada no my**BIOME** é a **alta resolução** comparativamente com a análise convencional de amplificação do gene RNAr 16S. Isto acontece porque diferentes espécies de bactérias podem ter regiões 16S semelhantes ou até idênticas, o que torna a amplificação do gene 16S incapaz de as distinguir[4]. **Esta limitação implica uma perda significativa de informações**, uma vez que diferentes espécies do mesmo género podem ter funções muito diferentes[5]. A sequenciação massiva da totalidade do genoma através da utilização do my**BIOME é presentemente a técnica com a resolução mais elevada para a identificação de microorganismos e para a deteção dos respetivos genes funcionais.**

myBIOME PODE FORNECER-NOS INFORMAÇÕES SOBRE:

DIVERSIDADE MICROBIANA: Esta é determinada pelo índice de *Shannon*, uma medida da diversidade utilizada por membros da comunidade científica para comparar os resultados ao longo do tempo, e que reflete os **diferentes tipos e número de espécies bacterianas** que fazem parte do nosso microbioma intestinal. **Uma diversidade microbiana elevada ou dentro do intervalo considerado normal está associada a um bom estado de saúde.** Uma dieta variada rica em alimentos de origem vegetal como frutas, vegetais, cereais integrais e frutos secos pode ajudar a aumentar essa diversidade.

ESPÉCIES IMPORTANTES: Identificação de bactérias **potencialmente benéficas ou patogénicas,** com base na evidência científica.

POTENCIAL DIGESTIVO: A análise fornece informações sobre o potencial de **digestão de componentes** como fibras e proteínas.

COMPOSIÇÃO DA AMOSTRA: A maior parte do DNA presente nas fezes (aproximadamente 99%) provém de microorganismos, enquanto apenas uma pequena quantidade (aproximadamente 1%) é DNA humano. O myBIOME fornece informações sobre a percentagem dos **principais grupos de microorganismos que habitam o intestino** (bactérias, *Archaea* e eucariotas (fungos e parasitas)), e também de novo DNA (não identificável) e do DNA humano contido na amostra. Mais de **4% do DNA humano pode ser um marcador indireto de inflamação intestinal.**

METABOLITOS MICROBIANOS: São quantificados os genes bacterianos funcionais que fornecem o potencial metabólico para produzir ou consumir os metabolitos envolvidos no **desenvolvimento de certas doenças, ou os metabolitos associados a efeitos benéficos para a saúde.** Os metabolitos que podem ser a chave na prevenção dessas doenças (indicadores de saúde, indicadores neuroendócrinos, ácidos gordos de cadeia curta (AGCC) e vitaminas) são determinados com base nos genes funcionais.

MICROORGANISMOS EUCARIOTAS: Reporta a presença de **fungos, *Archaeas*, leveduras e parasitas** importantes para a saúde.

RECOMENDAÇÕES NUTRICIONAIS: O relatório fornecido inclui **recomendações alimentares personalizadas,** com base nos resultados obtidos.

A utilização da sequenciação metagenómica, em conjunto com a interpretação dos resultados que esta tecnologia avançada oferece, faz do myBIOME **o teste de referência para análise do microbioma intestinal**, fornecendo uma diferenciação e caracterização exaustivas dos microorganismos que a compõem, para além de fornecer recomendações nutricionais que permitem conseguir um equilíbrio saudável.

Pontos chave

- O único teste que permite realizar uma **análise metagenómica** de todos os genes das bactérias que povoam o intestino.
- Oferece uma **classificação taxonómica mais informada** tanto em termos qualitativos como quantitativos.
- Consegue detetar bactérias, *archaeas*, eucariotas (fungos, leveduras e parasitas).
- Mede o potencial das **bactérias presentes no intestino para produzirem metabolitos e vitaminas,** que desempenham funções cruciais para a saúde.
- Fornece recomendações nutricionais personalizadas, com base nas **necessidades bacterianas específicas de cada indivíduo.**

BIBLIOGRAFIA

1. Yang B, Wang Y, Qian PY. Sensitivity and correlation of hypervariable regions in 16S rRNA genes in phylogenetic analysis. BMC Bioinformatics. 2016 Mar 22;17:135
2. Větrovský T, Baldrian P. The variability of the 16S rRNA gene in bacterial genomes and its consequences for bacterial community analyses. PLoS One. 2013;8(2):e57923.
3. Kumar S, Krishnani KK, Bhushan B, Brahmane MP. Metagenomics: Retrospect and Prospects in High Throughput Age. Biotechnol Res Int. 2015;2015:121735.
4. Fox GE, Wisotzkey JD, Jurtshuk P Jr. How close is close: 16S rRNA sequence identity may not be sufficient to guarantee species identity. Int J Syst Bacteriol. 1992 Jan;42(1):166-70
5. Clarridge JE 3rd. Impact of 16S rRNA gene sequence analysis for identification of bacteria on clinical microbiology and infectious diseases. Clin Microbiol Rev. 2004 Oct;17(4):840-62

LÍDER EUROPEU EM SERVIÇOS DE DIAGNÓSTICO MÉDICO.

PRESENTE EM **36 PAÍSES** EM **4 CONTINENTES**.

MAIS DE **20.000 COLABORADORES**, MAIS DE **1.200 MÉDICOS**.

MAIS DE **450 LABORATÓRIOS** E **1.600 UNIDADES**.

1,5 MILHÕES DE RESULTADOS POR DIA.

PORTFÓLIO COM MAIS DE **5.000 TESTES DISPONÍVEIS**.

SYNLAB

SOLICITE MAIS INFORMAÇÃO
+351 210 303 210 *(custo de chamada local/nacional)*
geral@synlab.pt

www.synlab.pt

MYBIOME/LM/PT/10012023