



MICROBIOMA INTESTINAL SHOTGUN

Prepare-se para Viver Bem!

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

SEQUENCIAMENTO GENÉTICO DE MICROBIOTA INTESTINAL

LAUDO RESUMO

INDICADORES	RESULTADO	REFERÊNCIA	INDICADOR
1 FILO			
Abundância Indicador F+B	97,78%	Entre 85% e 95%	●
Proporção Indicador F/B	0,06	Entre 0,7 e 1,0	●
2 GÊNERO			
DIVERSIDADE	2,33	Maior que 7	●
DISTRIBUIÇÃO	Inadequada	Adequado	●
3 ESPÉCIE			
RIQUEZA	509	Maior que 400	●
BACTÉRIAS PROTETORAS			
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0,00%	Entre 1% a 5%	●
<i>Eubacterium rectale</i>	0,00%	Entre 1% a 13%	●
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	0,03%	Entre 5% a 15%	●
<i>Bifidobacterium spp</i>	0,69%	Entre 1% a 6%	●
ESPÉCIES PATOGÊNICAS			
<i>Escherichia coli</i>	0,11%	-	●
4 PERFIL DA COMPOSIÇÃO DA MICROBIOTA INTESTINAL			
<i>Assinatura microbiana não realizada devido a ausência de literatura conclusiva para a enfermidade relatada ou ausência de relatos de condições específicas de saúde.</i>			
ACHADOS ATÍPICOS			
<i>Não foram encontrados achados atípicos.</i>			

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

SEQUENCIAMENTO GENÉTICO DE MICROBIOTA INTESTINAL

LAUDO COMENTADO

1. ANÁLISE DE FILO

A. ABUNDÂNCIA | Indicador Firmicutes + Bacteroidetes

Resultado: 97,78 %

Desejável: Entre 85% e 95%

Classificação: Inadequada

FILO	PORCENTAGEM	CLASSIFICAÇÃO
Bacteroidetes	92,15%	●
Firmicutes	5,63%	●

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, estimulando a síntese de citocinas e estando associados a condições inflamatórias. Percentuais elevados desse filo foram observados em pacientes com câncer de pulmão. Na resposta a imunoterapia, a maior abundância de Bacteroidetes foi correlacionada a colite e resposta prejudicada, sugerindo que este filo desempenha um papel crucial no desenvolvimento tumoral.

ACTINOBACTERIA

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

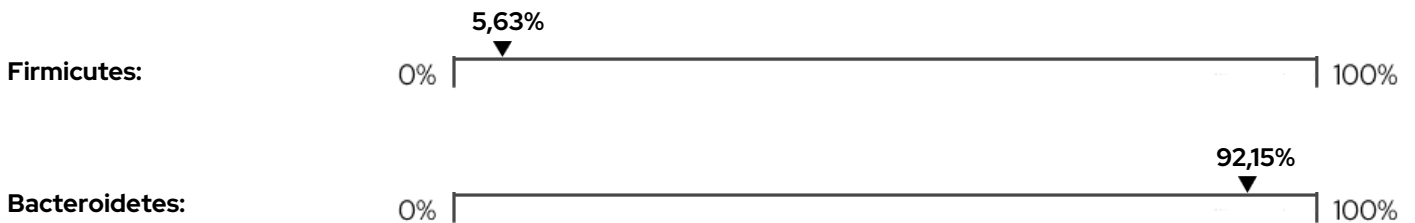
Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

1. ANÁLISE DE FILO

B. PROPORÇÃO | Indicador Firmicutes/Bacteroidetes

Resultado: 0,06
Desejável: Entre 0,7 e 1,0
Classificação: Inadequada



INTERPRETAÇÃO:

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

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

2. ANÁLISE DE GÊNERO

A. DIVERSIDADE | Índice de Simpson



Resultado: 2,33

Padrão de referência: Maior que 7

Classificação: Inadequado

INTERPRETAÇÃO:

Diversidade microbiana abaixo do valor desejável. Pacientes oncológicos, geralmente apresentam redução na diversidade microbiana intestinal. Baixos valores deste indicador se correlacionam com o aumento de doenças metabólicas e inflamatórias, além de representar uma fragilidade imunológica que pode impactar a resposta ao tratamento oncológico e a ocorrência de resultados adversos. Uma microbiota diversificada desempenha um papel crucial na proteção contra a colonização de patógenos no intestino humano e na resposta favorável à imunoterapia.

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

2. ANÁLISE DE GÊNERO

B. DISTRIBUIÇÃO

GÊNERO	FILO	PERCENTUAL ENCONTRADO	CLASSIFICAÇÃO
Bacteroides	Bacteroidetes	71,31%	●
Prevotella	Bacteroidetes	16,07%	●
Faecalibacterium	Firmicutes	1,98%	●
Alistipes	Bacteroidetes	1,72%	●
Paraprevotella	Bacteroidetes	1,52%	●
Parabacteroides	Bacteroidetes	0,79%	●
Veillonella	Firmicutes	0,75%	●
Eubacterium	Firmicutes	0,73%	●
Akkermansia	Verrucomicrobiota	0,73%	●
Phocaeicola	Bacteroidetes	0,72%	●

LEGENDA: ● Adequado ● Atípico ● Inadequado

Classificação: Inadequada

INTERPRETAÇÃO:

BACTEROIDES

Elevado percentual de Bacteroides. Gênero gram-negativo pertencente ao filo Bacteroidetes, que representa um dos principais grupos bacterianos da microbiota intestinal humana, cujos percentuais aceitáveis devem ser inferiores a 25%. Altos níveis de Bacteroides estão associados à redução da diversidade microbiana, ao consumo de dieta ocidental, à ocorrência de inflamação intestinal, câncer de pulmão, e menor resposta à imunoterapia.

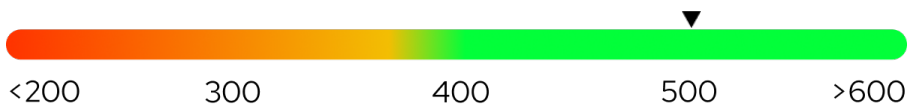
Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

A. RIQUEZA

Resultado: 509
Desejável: Maior que 400
Classificação: Adequada



INTERPRETAÇÃO:

Encontrada riqueza microbiana dentro do desejável. Encontrada riqueza microbiana abaixo do desejável. Níveis adequados deste índice são considerados características de saúde e estabilidade intestinal, pois a variedade bacteriana tende a fornecer um repertório microbiano apto a produzir respostas fisiológicas adequadas. Baixos percentuais tem sido relatado em pacientes com diversos tipos de cânceres, além de estar associado à efeitos adversos ao tratamento oncológico.

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

B. PRESENÇA DE ESPÉCIES PROTETORAS

I. AKKERMANSIA MUCINIPHILA

Resultado: 0,00 %

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. No tratamento oncológico, níveis adequados de Akkermansia muciniphila estão associadas a resultados clínicos favoráveis e melhor resposta à imunoterapia.

II. EUBACTERIUM RECTALE

Resultado: 0,00 %

Desejável: Entre 1% a 13%

Classificação: Inadequada



INTERPRETAÇÃO:

Verificado reduzido percentual 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 epiteliais que contribui para a manutenção da integridade da barreira intestinal. No paciente oncológico, o enriquecimento de Eubacterium rectale foi associado a resposta à imunoterapia anti-PD1 e melhor prognóstico.

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

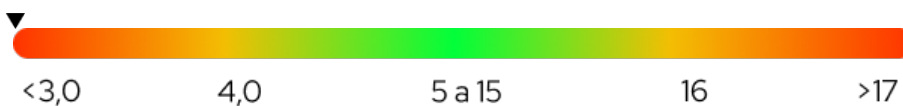
B. PRESENÇA DE ESPÉCIES PROTETORAS (continuação)

III. FAECALIBACTERIUM PRAUSNITZII

Resultado: 0,03 %

Desejável: Entre 5% a 15%

Classificação: **Inadequada**



INTERPRETAÇÃO:

Verificado percentual abaixo do desejável para *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, contribui para a integridade da barreira intestinal e possui propriedades anti-inflamatórias. *Faecalibacterium* tem sido relatada como um marcador de um microbioma intestinal 'favorável', que pode reduzir a toxicidade e aumentar as respostas associadas ao tratamento oncológico, especialmente na imunoterapia. Percentuais reduzidos dessa espécie benéfica têm sido observados em diversos tipos de câncer, incluindo câncer de pulmão.

IV. BIFIDOBACTERIUM SPP

Resultado: 0,69 %

Desejável: Entre 1% a 6%

Classificação: **Inadequada**



INTERPRETAÇÃO:

Verificado percentual de *Bifidobacterium* spp. abaixo do desejável. Este gênero bacteriano está entre as primeiras bactérias a colonizar o trato gastrointestinal humano. Essas espécies podem exercer benefícios positivos à saúde do hospedeiro por meio de suas atividades metabólicas e produção de ácidos graxos de cadeia curta, que promovem a saúde intestinal. Percentuais reduzidos dessa espécie benéfica têm sido observados em diversos tipos de câncer, incluindo o câncer hepático, e o aumento em seus percentuais tem sido associado a uma melhor resposta ao tratamento oncológico.

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

C. PRESENÇA DE ESPÉCIES PATOGENICAS

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

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

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

LEGENDA: ● Adequado ● Atípico ● Inadequado

Classificação: Atípica

INTERPRETAÇÃO:

ESCHERICHIA COLI

Bactéria potencialmente patogêna encontrada em quantidade atípica. Escherichia coli, é comumente encontrada no intestino grosso de humanos e outros animais. Essa espécie pode existir em estado simbiótico, não causando prejuízos ao organismo, ou podem ser patogênicas causando doenças intestinais e extra-intestinal. Independente das cepas de E. coli, até mesmo as comensais também podem causar doenças, principalmente diarreias, em hospedeiros imunocomprometidos e vulneráveis, podendo estar associada ao desenvolvimento das doenças inflamatórias intestinais. Além disso, essa espécie associada à mucosa tem um papel importante na patogênese do câncer colorretal por induzir uma resposta pró-inflamatória e produção de toxinas.

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

4. ACHADOS ATÍPICOS

ESPÉCIES ATÍPICAS	RESULTADO	REFERÊNCIA	CLASSIFICAÇÃO
Ruminococcus gnavus	0,08%	Desejável: <0,1%	●

LEGENDA: ● Adequado ● Atípico ● Inadequado

INTERPRETAÇÃO:

RUMINOCOCCUS GNAVUS

Bactéria gram-positiva produtora de polissacarídeo inflamatório associada ao desenvolvimento de doenças inflamatórias, alérgicas e desordens metabólicas (diabetes, obesidade, doenças cardíacas) e neurológicas (depressão, ansiedade, epilepsia e enxaqueca).

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

5. CONCLUSÃO DO EXAME

Disbiose caracterizada por:

- Distorção de filo com alto percentual de Bacteroidetes, e baixo percentual de Firmicutes e Actinobacteria.
- Diversidade microbiana abaixo do desejável.
- Elevado percentual de Bacteroides.
- Baixo percentual de Akkermansia muciniphila.
- Baixo percentual de Faecalibacterium prausnitzii.
- Baixo percentual de Eubacterium rectale.
- Baixo percentual de Bifidobacterium spp.
- Presença de Escherichia coli.

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo:12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

ANÁLISE DE VIRUS

DISTRIBUIÇÃO

GÊNERO	FILO	PERCENTUAL ENCONTRADO	CLASSIFICAÇÃO
Kahnovirus	Uroviricota	90,40%	●
Kolpuevirus	Uroviricota	4,90%	●
Cohcovirus	Uroviricota	2,41%	●
Moineauvirus	Uroviricota	1,35%	●
Skuvirus	Uroviricota	0,36%	●

Legenda: ● Adequado ● Atípico ● Inadequado

Classificação: Atípica

INTERPRETAÇÃO:

KAHNOVIRUS

Percentual atípico de Kahnovirus. Gênero composto por vírus de cadeia simples de DNA. Embora não sejam conhecidos os percentuais desejáveis na microbiota intestinal, em câncer colorretal elevados percentuais foram associados ao crescimento tumoral, redução da sobrevida e diminuição da eficácia à quimioterapia

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo:12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

ANÁLISE DE GENES ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS

NOME	DESCRIÇÃO	Cobertura/Identidade	STATUS
Tetraciclina	Tet(Q)	100%/98,2%	●
Tetraciclina	Tet(W)	100%/98,2%	●
Macrolídeos	erm(B)	100%/98,2%	●
Macrolídeos	erm(X)	100%/98,2%	●
Macrolídeos	msr(D)-mel	100%/98,2%	●

Legenda: ● Ausente ● Presente

INTERPRETAÇÃO

- A detecção desses genes de resistência em bactérias pode afetar significativamente as opções terapêuticas, sugerindo a avaliação de alternativas ao tratamento com antibioticoterapia.

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

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 material genético é submetido a construção de biblioteca, que abrange a identificação de bactérias, fungos, vírus e protozoários.
- O Shotgun é realizado através da técnica de Sequenciamento de Nova Geração (NGS) (Massivo Paralelo) utilizando o sequenciador da plataforma Illumina, Inc.
- Os dados obtidos no NGS são analisados e taxonomizados utilizando o RefSeq Databank por processos customizados de bioinformática (*in house*).

Qualidade da amostra analisada

Total de leituras	4074892
Leituras aprovadas no controle de qualidade	4074892
Total de leituras	100,00%

NÍVEL TAXONÔMICO	LEITURAS CLASSIFICADAS	PERCENTUAL DE LEITURAS
Reino	4074892	100,00%
Filo	4074892	100,00%
Classe	4074887	100,00%
Ordem	4074787	100,00%
Família	4054417	99,50%
Gênero	4074892	100,00%
Espécie	1077017	26,43%

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: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

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.

COMENTÁRIOS AO PRESCRITOR

Recomenda-se avaliação do quadro antes da aplicação da sugestão de conduta apresentada neste laudo. O tratamento oncológico implica em cuidados gerais que podem ser influenciados pelo uso de probióticos.

1. SUGESTÕES DIETÉTICAS

O QUE INCLUIR?

Aumentar a hidratação diária: 35mL/kg de peso/dia

Proteínas vegetais: feijão, lentilha, grão de bico, ervilha, soja, edamame, tofu, semente de girassol, gergelim, semente de abóbora, aveia, amêndoa, amendoim, castanha.

Riboflavina (Vit. B2): vegetais folhosos como couve, espinafre, repolho, agrião, brócolis, ovos, carne e leite

Dieta mediterrânea (rica em ômega 3): rica em peixes, azeite, castanhas

Fibras solúveis: aveia, psyllium e goma acácia.

Fibras insolúveis: verduras (folhas), frutas com casca e cereais integrais.

Polifenóis: cravo, anis, chocolate amargo e chá verde.

Elagitaninas: morango e mirtilo.

Açafrão

O QUE EVITAR?

Dieta rica em gordura animal (carnes gordurosas e laticínios integrais)

Dieta rica em adoçantes artificiais ou açúcares refinados

Paciente: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

SUORTE 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

Ômega 3

Vitamina D

Colágeno

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

B) FIBRAS PREBIÓTICAS

ASSOCIAÇÃO	Psyllium
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: Modelo 1
Data de nascimento: XX/XX/XXXX
Médico: Modelo 1
Idade: 34 anos

Protocolo: 12345678
Data da coleta: XX/XX/XXXX
Recebimento da amostra em: XX/XX/XXXX
Liberado em: XX/XX/XXXX

SUPOORTE 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

Distribuição: 50% Lactobacillus + 50% Bifidobacterium

ESPÉCIES	DOSAGEM
Bifidobacterium adolescentis	2 bilhões UFC/dia
Bifidobacterium lactis	4 bilhões UFC/dia
Bifidobacterium longum	3 bilhões UFC/dia
Lactobacillus reuteri	3 bilhões UFC/dia
Lactobacillus rhamnosus	3 bilhões UFC/dia
Lactobacillus salivarius	2 bilhões UFC/dia
Total	17 bilhões UFC/dia

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

DOSAGEM	igual ou maior que 10 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 MICROORGANISMOS

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Archaea	Methanobacteriota	Methanobacteria	Methanobacteriales	Methanobacteriaceae	Methanosphaera		12	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium		1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	bifidum	13	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	boum	20	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	longum	8509	0,21%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	merycicum	12	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	scardovii	100	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium		19266	0,47%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Scardovia	wiggisiae	0	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Scardovia		0	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Geodermatophilales	Geodermatophilaceae	Modestobacter		3	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Kitasatosporales	Streptomycetaceae	Streptomyces		6	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Micrococcales	Cellulomodaceae	Cellulomos	flavige	7	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Micrococcales	Cellulomodaceae	Cellulomos		2	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Micrococcales	Micrococcaceae	Arthrobacter		2	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Micrococcales	Micrococcaceae	Pseudarthrobacter		1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Micrococcales	Micrococcaceae	Rothia		2	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Mycobacteriales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium		2	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Mycobacteriales	Gordoniaceae	Gordonia		2	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Mycobacteriales	Mycobacteriaceae	Mycobacterium		1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Mycobacteriales	Nocardiaceae	Nocardia		1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Mycobacteriales	Nocardiaceae	Rhodococcus		6	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	Amycolatopsis		23	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinomycetes	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	Pseudonocardia		1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Atopobiaceae	Atopobium		0	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Atopobiaceae	Olsenella		0	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	takaei	13	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella		4	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Adlercreutzia	equolifaciens	9	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Adlercreutzia	rubneri	15	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Adlercreutzia		72	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Eggerthella	lenta	22	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Eggerthella	sp.	39	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Eggerthella		186	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Enteroscipio	rubneri	38	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Enteroscipio		0	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Gordonibacter	pamelaeae	4	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Gordonibacter		0	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Nitriliruptoria	Euzebyales	Euzebyaceae	Euzebya		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Marinococcus		3	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Rosellomorea		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Brevibacillus		10	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus		29	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	Carnobacterium		0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	Granulicatella		8	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus	faecalis	5	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus	faecium	10	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus		0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus	acidophilus	8	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus		18	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Limosilactobacillus	reuteri	9	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Limosilactobacillus		4	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Lactococcus		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	phage	12	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	phage	6	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	phage	2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	sp.	48	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	thermophilus	24	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus		60	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Christensenellales	Christensenellaceae	Christensenella		4	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Acutalibacteraceae	Acutalibacter		140	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Acutalibacteraceae	Aeromassilibacillus	sp.	86	0,00%

CRBM: 15771 SP - BIOMÉDICO RESPONSÁVEL: DR. RAFAEL MALAGOLI, MSc, PhD

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.

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Acutalibacteraceae	Aeromassilibacillus		0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Acutalibacteraceae	Hydrogeniclostridium	mannosilyticum	25	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Acutalibacteraceae	Hydrogeniclostridium		0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Acutalibacteraceae	Pseudoruminococcus	massiliensis	12	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Acutalibacteraceae	Pseudoruminococcus		0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Butyricocccaceae	Agathobaculum	butyriciproducens	19	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Butyricocccaceae	Agathobaculum	desmolans	0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Butyricocccaceae	Agathobaculum	sp.	21	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Butyricocccaceae	Agathobaculum		0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Butyricocccaceae	Butyricococcus	faeihominis	15	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Butyricocccaceae	Butyricococcus	pullicaeorum	17	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Butyricocccaceae	Butyricococcus	sp.	87	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Butyricocccaceae	Butyricococcus		51	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	bolteae	200	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	clostridioforme	114	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	hathewayi	35	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	indicum	54	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	leptum	6	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	phocensis	641	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	porci	41	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	sp.	7385	0,18%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	innocuum	16	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	leptum	72	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	methoxybenzovorans	0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	nexile	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	scindens	2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	symbiosum	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium		1112	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Massilioclostridium	coli	32	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Massilioclostridium		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Desulfotobacteriaceae	Desulfotobacterium		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Acetobacterium		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium	mgbc121343	13	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium	callanderi	36	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium	siraeum	932	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium	sp.	26535	0,65%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium	rectale	30	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium	siraeum	1397	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium		772	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Fournierella	massiliensis	42	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Allofournierella		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Aerotruncus	colihominis	60	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Aerotruncus	rubiinfantis	31	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Aerotruncus	sp.	161	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Aerotruncus		353	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Angelakisella	massiliensis	89	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Angelakisella		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Drancourtella	massiliensis	149	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Drancourtella	sp.	37	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Drancourtella		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Dysosmobacter	welbionis	2123	0,05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Dysosmobacter		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Faecalibacterium	longum	0	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Faecalibacterium	prausnitzii	1089	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Faecalibacterium	sp.	502	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Faecalibacterium		78963	1,94%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Flavonifractor	plautii	242	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Flavonifractor	sp.	610	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Flavonifractor		86	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Lawsonibacter	mgbc000135	16	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Lawsonibacter	mgbc163672	27	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Lawsonibacter	celer	20	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Lawsonibacter	faecis	24	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Lawsonibacter		59	0,00%

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Massiliimalia	massiliensis	20	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Massiliimalia		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Merdimmobilis	hominis	92	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Merdimmobilis		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Neglectibacter	timonensis	16	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Neglectibacter		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Neobittarella	massiliensis	15	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Neobittarella (ex Bilen et al. 2019)		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	mgb000151	23	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	mgb000153	26	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	mgb0114107	24	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	mgb0114113	36	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	mgb0125253	31	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	mgb0163303	32	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	hominis	46	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	sp.	1502	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	valericigenes	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter		543	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Pseudoflavonifractor	capillosus	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Pseudoflavonifractor	gallirum	190	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Pseudoflavonifractor	phocaensis	450	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Pseudoflavonifractor	sp.	763	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Pseudoflavonifractor		13	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Pusillibacter	faecalis	2282	0,06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Pusillibacter		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	mgb0139800	11	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	birculans	29	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	bromii	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	sp.	169	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	gvus	1449	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	lactaris	20	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	torques	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus		29	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruthenibacterium	lactatiformans	173	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruthenibacterium		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Subdoligranulum	sp.	691	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Subdoligranulum		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Vermiculatibacterium	agrestimuris	34	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Vermiculatibacterium		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Vescimos	coprocola	245	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Vescimos	fastidiosa	11580	0,28%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Vescimos		49	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Youxingia	wuxianensis	82	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Youxingia		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Zongyanga	hominis	24	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Zongyanga		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Evtepia		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Flintibacter	muris	14	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Flintibacter		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Gemmiger	qucibialis	3776	0,09%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Gemmiger	sp.	151	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Gemmiger		58	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Intestinimos	butyriciproducens	1245	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Intestinimos	massiliensis	3038	0,07%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Intestinimos	sp.	1464	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Intestinimos	timonensis	143	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales		Intestinimos		10559	0,26%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Aerotigceae	Aerotignum	lactatifermentans	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Aerotigceae	Aerotignum		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Acetatifactor		46	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Alitiscatomos	aceti	17	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Alitiscatomos		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Aerobutyricum		77	0,00%

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Aerospobacter	mobilis	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Aerospobacter		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Aerostipes	butyraticus	6	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Aerostipes	caccae	65	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Aerostipes	sp.	43	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Aerostipes		515	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	caecimuris	422	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	producta	519	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	schinkii	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	sp.	645	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia		3328	0,08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Butyrivibrio	crossotus	24	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Butyrivibrio		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Catenibacillus	scindens	46	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Catenibacillus		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Coprococcus	eutactus	2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Coprococcus	sp.	169	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Coprococcus		342	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Diplocloster	agilis	35	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Suonthocola	fibrivorans	3	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Diplocloster		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Dorea	acetigenes	15	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Dorea		75	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Eisenbergiella	porci	50	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Eisenbergiella	sp.	26	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Eisenbergiella	tayi	43	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Eisenbergiella		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Enterocloster	aldensis	5788	0,14%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Enterocloster	asparagiformis	90	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Enterocloster	bolteae	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Enterocloster	citroniae	6	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Enterocloster	clostridioformis	4079	0,10%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Enterocloster	lavalensis	11061	0,27%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Enterocloster		754	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Gallintestinimicrobium	propionicum	22	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Gallintestinimicrobium		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Hespellia	stercorisuis	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Hespellia		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Hungatella	effluvii	87	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Hungatella	hathewayi	36	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Hungatella		54	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoaerobaculum	sp.	52	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoaerobaculum		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	pacaense	41	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	phocaense	22	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	sp.	1618	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium		8	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnospira		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lacrimispora	saccharolytica	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lacrimispora		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Laedolimicola	ammoniiytica	18	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Laedolimicola		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Mediterraneibacter	glycyrhizinilyticus	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Mediterraneibacter	massiliensis	2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Mediterraneibacter		4	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Merdimos	faecis	47	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Merdimos		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Oribacterium		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Pseudobutyrvibrio		3	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Robinsoniella		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Roseburia		30	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Schaedlerella		29	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Sellimos	intestilis	85	0,00%

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Sellimos		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Shuttleworthella		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Stomatobaculum	longum	13	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Stomatobaculum		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tyzzereella		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Monoglobales	Monoglobaceae	Monoglobus	pectinilyticus	9	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Monoglobales	Monoglobaceae	Monoglobus		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Aerovoracaceae	Hominibacterium	faecale	132	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Aerovoracaceae	Hominibacterium		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Aerovoracaceae	Zhenpiania	hominis	25	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Aerovoracaceae	Zhenpiania		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	Clostridioides	difficile	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	Clostridioides		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	Terrisporobacter		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Coprobacillaceae	Coprobacillus	cateniformis	47	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Coprobacillaceae	Coprobacillus	sp.	329	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Coprobacillaceae	Coprobacillus		28	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Coprobacillaceae	Sharpea		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Coprobacillaceae	Thomasclavelia	coeleata	36	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Coprobacillaceae	Thomasclavelia	ramosa	210	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Coprobacillaceae	Thomasclavelia	spiroformis	843	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Coprobacillaceae	Thomasclavelia		12	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Allobaculum		2	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Amedibacillus	hominis	16	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Amedibacillus		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Absiella	sp.	33	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Amedibacterium		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Faecalicoccus	acidiformans	24	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Faecalicoccus		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Holdemanella	biformis	56	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Holdemanella		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Holdemania	filiformis	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Holdemania		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Longicate	caecimuris	12	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Longicate		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Massilicoli	timonensis	17	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Massilicoli		0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Massilimicrobiota	sp.	209	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Massilimicrobiota	timonensis	13	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Massilimicrobiota		66	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Acidaminococcus		9	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomodales	Selenomodaceae	Selenomos		8	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Dialister		4	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Megasphaera		3	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	denticariosi	0	Não detectado
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	dispar	440	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	hominis	135	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	infantium	90	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	sp.	300	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	tobetsuensis	27	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella		29651	0,73%
Bacteria	Firmicutes				Negativibacillus	massiliensis	5	0,00%
Bacteria	Firmicutes				Negativibacillus		0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	caccae	20232	0,50%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	cellulosilyticus	1145	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	faecis	18691	0,46%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	fragilis	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	ihuae	36	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	neoti	85	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	nordii	2808	0,07%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	ovatus	8619	0,21%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	salyersiae	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	sp.	126725	3,11%

CRBM: 15771 SP - BIOMÉDICO RESPONSÁVEL: DR. RAFAEL MALAGOLI, MSc, PhD

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.

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	stercoris	93045	2,28%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	uniformis	37375	0,92%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	xylanisolvans	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides		2596858	63,73%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Mediterranea	sp.	51	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Mediterranea		8	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Phocaeicola	dorei	4218	0,10%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Phocaeicola	vulgatus	21562	0,53%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Phocaeicola		3737	0,09%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Barnesiellaceae	Barnesiella		2	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Dysgonomodaceae	Dysgonomos		7	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Dysgonomodaceae	Proteiniphilum		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Muribaculaceae	Duncaniella		4	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Muribaculaceae	Muribaculum		2	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Muribaculaceae	Paramuribaculum		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Odoribacteraceae	Butyricimos		41	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Odoribacteraceae	Odoribacter		292	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	Paludibacter		0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromodaceae	Porphyromos		138	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Hoyleseella		2	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Paraprevotella	clara	22397	0,55%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Paraprevotella		39664	0,97%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	nigrescens	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	sp.	490562	12,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	stercorea	42530	1,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella		121771	2,99%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	mgbc104261	9	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	communis	12133	0,30%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	finegoldii	645	0,02%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	ihumii	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	indistinctus	8796	0,22%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	montrealensis	64	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	onderdonkii	8255	0,20%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	provencensis	101	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	putredinis	114	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	senegalensis	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	shahii	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	sp.	5673	0,14%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	timonensis	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes		34357	0,84%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Gallalistipes	aquisgranensis	19	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Gallalistipes		0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	distasonis	1124	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	gordonii	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	johnsonii	83	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	merdae	2385	0,06%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	phage	42	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	sp.	952	0,02%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	timonensis	128	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides		27402	0,67%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Tannerella		0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Marinilibiliales	Marinifilaceae	Marinifilum		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Marinilibiliales	Prolixibacteraceae	Mariniphaga		6	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Edaphocola		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	Siphonobacter		0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	Hymenobacter		5	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Leadbetterellaceae	Emticicia		2	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Spirosomataceae	Dyadobacter		4	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Spirosomataceae	Runella		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Blattabacteriaceae	Blattabacterium		3	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Capnocytophaga	sp.	0	Não detectado
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Capnocytophaga		8	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavicella		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium		12	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Mangrovimos		1	0,00%

CRBM: 15771 SP - BIOMÉDICO RESPONSÁVEL: DR. RAFAEL MALAGOLI, MSc, PhD

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.

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Nonlabens		2	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Psychroflexus		10	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Zobellia		3	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Chryseobacterium		2	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Elizabethkingia		2	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae	Mucilaginitacter		2	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae	Pedobacter		3	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae	Sphingobacterium		11	0,00%
Bacteria	Campylobacterota	Epsilonproteobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter		0	Não detectado
Bacteria	Campylobacterota	Epsilonproteobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter		2	0,00%
Bacteria	Chlamydiota	Chlamydiia	Chlamydiales	Chlamydiaceae	Chlamydiafrater		1	0,00%
Bacteria	Chloroflexota	Chloroflexia	Herpetosiphonales	Herpetosiphonaceae	Herpetosiphon		2	0,00%
Bacteria	Chloroflexota	Dehalococcoidia	Dehalococcoidales	Dehalococcoidaceae	Dehalococcoides	mccartyi	0	Não detectado
Bacteria	Chloroflexota	Dehalococcoidia	Dehalococcoidales	Dehalococcoidaceae	Dehalococcoides		0	Não detectado
Bacteria	Cyanobacteriota	Cyanophyceae	Oscillatoriales	Microcoleaceae	Planktothrix		1	0,00%
Bacteria	Deinococcota	Deinococci	Deinococcales	Deinococcaceae	Deinococcus		2	0,00%
Bacteria	Deinococcota	Deinococci	Thermales	Thermaceae	Thermus		2	0,00%
Bacteria	Fibrobacterota	Fibrobacteria	Fibrobacterales	Fibrobacteraceae	Fibrobacter		2	0,00%
Bacteria	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium		6	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Acidithiobacillia	Acidithiobacillales	Acidithiobacillaceae	Acidithiobacillus		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Roseomodaceae	Roseomos		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Caulobacter		7	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Geminococcales	Geminococcaceae	Tistrella		4	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobiales	Chelatococcaceae	Chelatococcus		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobiales	Nitrobacteraceae	Bradyrhizobium		6	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobiales	Nitrobacteraceae	Rhodopseudomonas		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobiales	Phyllobacteriaceae	Mesorhizobium		0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobiales	Rhizobiaceae	Agrobacterium		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobiales	Rhizobiaceae	Ensifer		0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobiales	Stappiaceae	Labrenzia		0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Paracoccaceae	Paracoccus		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Azospirillaceae	Azospirillum		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomodales	Sphingomodaceae	Novosphingobium		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomodales	Sphingomodaceae	Sphingobium		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomodales	Sphingomodaceae	Sphingomos	sp.	48	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomodales	Sphingomodaceae	Sphingomos		0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligeceae	Achromobacter		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligeceae	Bordetella		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligeceae	Oligella		7	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia	contamins	0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia	stabilis	2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia		47	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Lautropia	mirabilis	0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Lautropia		0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Pandoraea		6	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Paraburkholderia	ferrariae	0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Paraburkholderia		16	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Polynucleobacter		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamodaceae	Acidovorax		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamodaceae	Alicyclophilus		3	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamodaceae	Delftia		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Duganella		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Herbaspirillum		6	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Janthinobacterium		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Rugamos		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sphaerotilaceae	Azohydromos		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sphaerotilaceae	Ideonella		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sphaerotilaceae	Methylbium		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Parasutterella	excrementihominis	57	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Parasutterella	secunda	33	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Parasutterella		24	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	sp.	18831	0,46%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella		91	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Neisseriales	Chitinibacteraceae	Chitinibacter		1	0,00%

CRBM: 15771 SP - BIOMÉDICO RESPONSÁVEL: DR. RAFAEL MALAGOLI, MSc, PhD

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.

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Neisseriales	Chitinibacteraceae	Deefgea		6	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Neisseriales	Chromobacteriaceae	Chromobacterium		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Neisseriales	Neisseriaceae	Eikenella		3	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Neisseriales	Neisseriaceae	Neisseria		8	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Neisseriales	Neisseriaceae	Snodgrassella		4	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Nitrosomodales	Nitrosomodaceae	Nitrosospira		3	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Nitrosomodales	Thiobacillaceae	Thiobacillus		0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Rhodocyclales	Azonexaceae	Dechloromos		4	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Rhodocyclales	Rhodocyclaceae	Aromatoleum		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromodales	Aeromodaceae	Aeromos		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromodales	Alteromodaceae	Alteromos		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromodales	Idiomariceae	Idiomari		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Chromatiales	Halothiobacillaceae	Halothiobacillus		0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Chromatiales	Sedimenticolaceae	Sedimenticola		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Buttiauxella		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Citrobacter		7	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Enterobacter	phage	20	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Enterobacter	solis	26	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Enterobacter		12	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia	coli	4641	0,11%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia	sp.	30	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia		2347	0,06%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Franconibacter		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Klebsiella		18	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Kosakonia		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Salmonella		6	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Shigella	dysenteriae	11	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Shigella	flexneri	26	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Shigella		45	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Erwiniaceae	Erwinia		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Erwiniaceae	Pantoea		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Lysobacteriales	Lysobacteraceae	Stenotrophomonas		0	Não detectado
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Lysobacteriales	Lysobacteraceae	Xanthomonas		2	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Lysobacteriales	Rhodanobacteriaceae	Dyella		3	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Moraxellales	Moraxellaceae	Acinetobacter	sp.	14	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Moraxellales	Moraxellaceae	Acinetobacter		7	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomodaceae	Halomos		3	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Rodentibacter		4	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomodales	Pseudomodaceae	Pseudomonas		6	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Steroidobacteriales	Steroidobacteraceae	Steroidobacter		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Vibriolales	Vibrionaceae	Vibrio		4	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Hydrogenophillia	Hydrogenophilales	Hydrogenophilaceae	Tepidiphilus		1	0,00%
Bacteria	Spirochaetota	Spirochaetia	Spirochaetales	Treponemataceae	Treponema		0	Não detectado
Bacteria	Synergistota	Synergistia	Synergistales	Dethiosulfobacteriaceae	Pyramidobacter		2	0,00%
Bacteria	Thermodesulfobacteriota	Desulfovibrionia	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Desulfovibrio		1	0,00%
Bacteria	Thermodesulfobacteriota	Desulfuromonia	Geobacterales	Geobacteraceae	Geobacter		2	0,00%
Bacteria	Thermodesulfobacteriota	Desulfuromonia	Geobacterales	Geobacteraceae	Geomos		2	0,00%
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiales	Akkermansiaceae	Akkermansia	sp.	12613	0,31%
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiales	Akkermansiaceae	Akkermansia		17291	0,42%
Eukaryota	Ascomycota	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	Exophiala		1	0,00%
Eukaryota	Ascomycota	Sordariomycetes	Microascales	Ceratocystidaceae	Endoconidiophora		2	0,00%
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes	Crassvirales	Steigviridae	Kahnovirus	copri	0	Não detectado
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes	Crassvirales	Steigviridae	Kahnovirus		5306	0,13%
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes	Crassvirales	Steigviridae	Kolpuevirus	hominis	0	Não detectado
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes	Crassvirales	Steigviridae	Kolpuevirus		286	0,01%
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes	Crassvirales	Steigviridae	Wulfhauvirus		4	0,00%
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes	Crassvirales	Suoliviridae	Birpovirus		1	0,00%
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes	Crassvirales	Suoliviridae	Cochovirus		141	0,00%
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes	Crassvirales	Suoliviridae	Culoivirus		3	0,00%
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes		Aliceevansviridae	Moineauvirus		79	0,00%
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes			Lentavirus	pmbt5	0	Não detectado
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes			Lentavirus		0	Não detectado
Viruses	Uroviricota	Caudoviricetes			Skuvirus		21	0,00%