

Painel de Exames

Checkup Intestinal



bioma
MICROBIOME & GENETICS EXPERTS

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg Altura: 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

CHECKUP INTESTINAL

LEGENDA: ● Adequado
● Atípico
● Inadequado

INDICADORES	RESULTADO	REFERÊNCIA	INDICADOR
PROVA COPROLÓGICA FUNCIONAL			
CONSISTÊNCIA	Pastosa	Fezes formadas	●
pH	6,0	6,0 - 8,0	●
GORDURAS NEUTRAS	Presente	Ausente	●
CORPOS ESTRANHOS	Ausente	Ausente	●
FIBRAS MUSCULARES MAL DIGERIDAS	Ausente	Ausente ou Presente	●
FIBRAS MUSCULARES BEM DIGERIDAS	Presente	Ausente ou Presente	●
AMIDO	Ausente	Ausente	●
CELULOSE	Presente	Ausente ou Presente	●
CRISTAIS	Presente*	Ausente	●
HEMÁCIAS	Ausente	Ausente	●
LEUCÓCITOS	Ausente	Ausente	●
FLORA IODÓFILA	Ausente	Ausente	●
CISTOS DE PROTOZOÁRIOS	Ausente	Ausente	●
OVOS DE HELMINTOS	Ausente	Ausente	●
OVOS DE LARVAS	Ausente	Ausente	●
BIOMARCADORES			
CALPROTECTINA <small>Metodologia: Ensaio imunoenzimático Calprotectin ELISA</small>	7,9 ug/g	<50 µg/g: sem inflamação 50 a 120 µg/g: doença orgânica em fase de remissão >120 µg/g: doença ativa com inflamação	●
ZONULINA <small>Metodologia: Enzimaimunoensaio</small>	72,0 ng/mL	15 - 107 ng/mL	●
ELASTASE PANCREÁTICA <small>Metodologia: Quimiluminescência</small>	>800,0 µg/g	<100 µg/g: insuficiência exógena grave 100 a 200 µg/g: insuficiência exógena leve a moderada >200 µg/g: normal	●
ÁCIDOS GRAXOS FECALIS <small>Metodologia: Sudam III</small>	Ausente	Ausente	●

Nota*: Verificada presença de cristais de Fosfato Triplo.

CRBM: 1577ISP - 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: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

SEQUENCIAMENTO GENÉTICO DE MICROBIOTA INTESTINAL

LAUDO RESUMO

INDICADORES	RESULTADO	REFERÊNCIA	INDICADOR
1 FILO			
Abundância Indicador F+B	86,39%	Entre 85% e 95%	●
Proporção Indicador F/B	0,75	Entre 0,7 e 1,0	●
2 GÊNERO			
DIVERSIDADE	8,39	Maior que 7	●
DISTRIBUIÇÃO	Atípica	Adequado	●
3 ESPÉCIE			
RIQUEZA	431	Maior que 400	●
BACTÉRIAS PROTETORAS			
<i>Akkermansia muciniphila</i>	2,72%	Entre 1% a 5%	●
<i>Eubacterium rectale</i>	0,03%	Entre 1% a 13%	●
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	6,87%	Entre 5% a 15%	●
<i>Bifidobacterium spp</i>	0,08%	Entre 1% a 6%	●
ESPÉCIES PATOGÊNICAS			
<i>Bacteroides fragilis</i>	0,10%	Referência <0,5%	●
<i>Salmonella spp</i>	0,01%	-	●
4 PERFIL DA COMPOSIÇÃO DA MICROBIOTA INTESTINAL			
Assinatura microbiana não realizada devido a ausência de literatura conclusiva para a enfermidade relatada ou ausência de relatos de condições específicas de saúde.			
ACHADOS ATÍPICOS			
<i>Bacteroides dorei</i>	5,84%	-	●
<i>Bilophila wadsworthia</i>	0,25%	Desejável: <0,1%	●
<i>Prevotella copri</i>	17,50%	-	●
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	10,18%	-	●

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

SEQUENCIAMENTO GENÉTICO DE MICROBIOTA INTESTINAL

LAUDO COMENTADO

1. ANÁLISE DE FILO

A. ABUNDÂNCIA | Indicador Firmicutes + Bacteroidetes

Resultado: 86,39 %
Desejável: Entre 85% e 95%
Classificação: Adequada

FILO	PORCENTAGEM	CLASSIFICAÇÃO
Bacteroidetes	49,25%	●
Firmicutes	37,14%	●
Proteobacteria	7,94%	●
Verrucomicrobia	2,76%	●
Actinobacteria	1,39%	●

LEGENDA: ● Adequado ● Atípico ● Inadequado

INTERPRETAÇÃO:

FIRMICUTES

Soma adequada, todavia observa-se elevado 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.

PROTEOBACTERIA

Elevado percentual de Proteobacteria. Os índices desejáveis de Proteobacteria não devem ultrapassar 5%. Uma expansão anormal de Proteobacteria compromete a estabilidade de uma comunidade microbiana, e a abundância deste filo é uma assinatura diagnóstica potencial de disbiose. Além disso, o aumento de Proteobacteria tem sido associado a condições inflamatórias, como obesidade, doenças metabólicas e câncer.

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

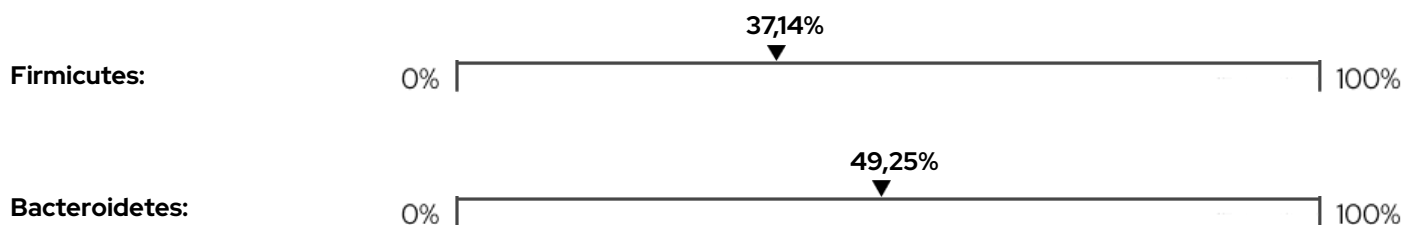
1. ANÁLISE DE FILO

B. PROPORÇÃO | Indicador Firmicutes/Bacteroidetes

Resultado: 0,75

Desejável: Entre 0,7 e 1,0

Classificação: Adequada



INTERPRETAÇÃO:

- Ainda que proporcionalmente adequados, os filós Firmicutes e Bacteroidetes estão fora da faixa esperada, devido a expansão anormal de outros filós: Proteobacteria.

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

2. ANÁLISE DE GÊNERO

A. DIVERSIDADE | Índice de Simpson



Resultado: 8,39

Padrão de referência: Maior que 7

Classificação: Adequado

INTERPRETAÇÃO:

Diversidade microbiana dentro 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: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE**Data de nascimento:** 05/05/2000**Prescritor:** FILIPPO PEDRINOLA**Idade:** 25 anos**Peso:** 0,00 Kg **Altura:** 183**Protocolo:** 100000226136**Data da coleta:** 23/06/2025**Recebimento da amostra em:** 23/06/2025**Liberado em:** 28/07/2025**Tipo de amostra:** Fezes

2. ANÁLISE DE GÊNERO

B. DISTRIBUIÇÃO

GÊNERO	FILO	PERCENTUAL ENCONTRADO	CLASSIFICAÇÃO
Prevotella	Bacteroidetes	18,06%	●
Bacteroides	Bacteroidetes	16,15%	●
Phascolarctobacterium	Firmicutes	11,67%	●
Faecalibacterium	Firmicutes	6,87%	●
Alistipes	Bacteroidetes	4,26%	●
Prevotellamassilia	Bacteroidetes	3,60%	●
Parasutterella	Proteobacteria	2,80%	●
Akkermansia	Verrucomicrobia	2,72%	●
Roseburia	Firmicutes	2,68%	●
Ruminococcus	Firmicutes	1,74%	●

LEGENDA: ● Adequado ● Atípico ● Inadequado

Classificação: Atípica

INTERPRETAÇÃO:

PHASCOLARCTOBACTERIUM

Percentual atípico de Phascolarctobacterium. Gênero de bactérias anaeróbicas que são capazes de produzir ácidos graxos de cadeia curta. Embora não se saiba qual percentual adequado para este gênero bacteriano na microbiota intestinal. Estudo mostra que Phascolarctobacterium atua no metabolismo do succinato, e maior percentual deste gênero foi observada em indivíduos com maior facilidade para perder peso, doenças cardíacas e rinite alérgica.

PARASUTTERELLA

Percentual atípico de Parasutterella. Gênero composto de bactérias anaeróbicas que são pertencente à família Sutterellaceae e filo Proteobacteria. Embora não seja sido descrito na literatura um percentual desejável deste gênero na microbiota intestinal humana, elevados percentuais de Parasutterella foram associados com a gênese e desenvolvimento da síndrome do intestino irritável (SII), inflamação intestinal crônica, obesidade e depressão. Além disso, Parasutterella foi positivamente associada ao IMC e ao diabetes tipo 2.

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

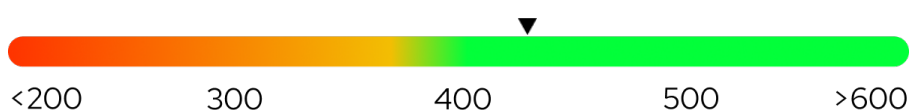
3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

A. RIQUEZA

Resultado: 431

Desejável: Maior que 400

Classificação: Adequada



INTERPRETAÇÃO:

Encontrada riqueza microbiana dentro 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: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

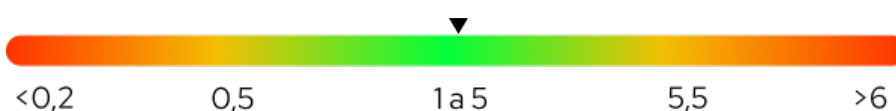
Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

B. PRESENÇA DE ESPÉCIES PROTETORAS

I. AKKERMANSIA MUCINIPHILA

Resultado: 2,72 %
Desejável: Entre 1% a 5%
Classificação: Adequada

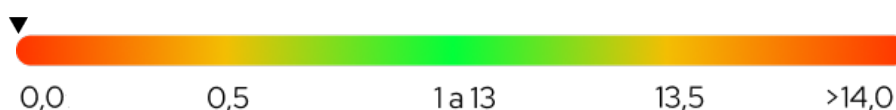


INTERPRETAÇÃO:

Verificado adequado 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. Em elevados percentuais essa espécie perde seu papel anti-inflamatório, podendo favorecer o aumento da permeabilidade intestinal e a translocação de mediadores inflamatório e produtos bacterianos para a circulação sistêmica.

II. EUBACTERIUM RECTALE

Resultado: 0,03 %
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. A redução na abundância dessa bactéria foi observada em pacientes com doenças inflamatórias e autoimunes, incluindo as doenças inflamatórias intestinais, psoríase, depressão, câncer colorretal e COVID-19.

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

B. PRESENÇA DE ESPÉCIES PROTETORAS (continuação)

III. FAECALIBACTERIUM PRAUSNITZII

Resultado: 6,87 %
Desejável: Entre 5% a 15%
Classificação: Adequada



INTERPRETAÇÃO:

Verificado adequado 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: 0,08 %
Desejável: Entre 1% a 6%
Classificação: Inadequada



INTERPRETAÇÃO:

Verificado baixo percentual 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 graxos 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: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE**Data de nascimento:** 05/05/2000**Prescritor:** FILIPPO PEDRINOLA**Idade:** 25 anos**Peso:** 0,00 Kg **Altura:** 183**Protocolo:** 100000226136**Data da coleta:** 23/06/2025**Recebimento da amostra em:** 23/06/2025**Liberado em:** 28/07/2025**Tipo de amostra:** Fezes

3. ANÁLISE DE ESPÉCIES

C. PRESENÇA DE ESPÉCIES PATOGENICAS

BACTÉRIAS PATOGENICAS	RESULTADO	REFERÊNCIA	CLASSIFICAÇÃO
1 <i>Bacteroides fragilis</i>	0,10%	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>	Não detectado	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>	0,01%	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: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE**Data de nascimento:** 05/05/2000**Prescritor:** FILIPPO PEDRINOLA**Idade:** 25 anos**Peso:** 0,00 Kg **Altura:** 183**Protocolo:** 100000226136**Data da coleta:** 23/06/2025**Recebimento da amostra em:** 23/06/2025**Liberado em:** 28/07/2025**Tipo de amostra:** Fezes

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: Adequada**INTERPRETAÇÃO:****BACTEROIDES FRAGILIS**

Bactéria gram-negativa potencialmente patogêna 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.

SALMONELLA SPP

Gênero potencialmente patogêno encontrado com percentual clinicamente irrelevante. Na microbiota intestinal membros do gênero estão associados a infecções alimentares, alterações do hábito intestinal, e processos inflamatórios.

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

4. ACHADOS ATÍPICOS

ESPÉCIES ATÍPICAS	RESULTADO	REFERÊNCIA	CLASSIFICAÇÃO
Bacteroides dorei	5,84%	Não descrito	●
Bilophila wadsworthia	0,25%	Desejável: <0,1%	●
Ruminococcus gnavus	0,02%	Desejável: <0,1%	●
Prevotella copri	17,50%	Não descrito	●
Phascolarctobacterium faecium	10,18%	Não descrito	●

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).

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.

PHASCOLARCTOBACTERIUM FAECIUM

Bactéria gram-negativa capaz de produzir ácidos graxos de cadeia curta, incluindo acetato e propionato, e que pode estar associada ao estado metabólico e ao humor do hospedeiro.

PREVOTELLA COPRI

Bactéria gram-negativa fermentadora e indutora de maior expressão de citocinas pró-inflamatórias, que em elevados percentuais está associada à dor, distensão abdominal, inflamação crônica de baixo grau, SII, síndrome metabólica e resistência à insulina.

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE**Data de nascimento:** 05/05/2000**Prescritor:** FILIPPO PEDRINOLA**Idade:** 25 anos**Peso:** 0,00 Kg **Altura:** 183**Protocolo:** 100000226136**Data da coleta:** 23/06/2025**Recebimento da amostra em:** 23/06/2025**Liberado em:** 28/07/2025**Tipo de amostra:** Fezes

5. CONCLUSÃO DO EXAME

Disbiose caracterizada por:

- Distorção de filo com alto percentual de Bacteroidetes e Proteobacteria, e baixo percentual de Firmicutes.
- Atípico percentual de Phascolarctobacterium e Parasutterella.
- Baixo percentual de Eubacterium rectale.
- Baixo percentual de Bifidobacterium spp.
- Presença de bactérias atípicas associadas a condições inflamatórias/autoimunes.

Paciente: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
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	27934
Leituras aprovadas no controle de qualidade	27934
Total de leituras	100,00%

NÍVEL TAXONÔMICO	LEITURAS CLASSIFICADAS	PERCENTUAL DE LEITURAS
Reino	27934	100,00%
Filo	27849	99,70%
Classe	27791	99,49%
Ordem	27772	99,42%
Família	27707	99,19%
Gênero	26112	93,48%
Espécie	22843	81,77%

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: JOÃO DE CARVALHO SALLES LEITE
Data de nascimento: 05/05/2000
Prescritor: FILIPPO PEDRINOLA
Idade: 25 anos
Peso: 0,00 Kg **Altura:** 183

Protocolo: 100000226136
Data da coleta: 23/06/2025
Recebimento da amostra em: 23/06/2025
Liberado em: 28/07/2025
Tipo de amostra: Fezes

ANÁLISE DE FUNGOS

CANDIDA ALBICANS	COMENTÁRIO
Resultado: Presente Desejável: Ausente	Espécie fúngica reconhecida como patógeno oportunista. A presença deste fungo na microbiota intestinal tem sido associada ao tratamento com antibióticos e a 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 à microbiota intestinal e da pele. A presença deste fungo na microbiota intestinal tem sido associada a processos inflamatórios relacionados às doenças inflamatórias intestinais e lesões hepáticas.
SACCHAROMYCES CEREVISIAE	COMENTÁRIO
Resultado: Presente 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 específicas 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 ser interpretados de acordo com achados clínicos e laboratoriais do paciente.

LISTA DE BACTERIAS

REINO	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	ESPÉCIE	QUANTI.	PERCENT.
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	copri	4889	17,50%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	faecium	2844	10,18%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Faecalibacterium	prausnitzii	1920	6,87%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	dorei	1631	5,84%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	massiliensis	1115	3,99%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotellamassilia	timonensis	1005	3,60%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides		811	2,90%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Parasutterella	excrementihominis	781	2,80%
Bacteria	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Akkermansia	muciniphila	759	2,72%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes		748	2,68%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae			572	2,05%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfobacterales	Desulfobacteraceae	Desulfocella	halophila	479	1,71%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae			453	1,62%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Paraprevotella	clara	341	1,22%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Parabacteroides	merdae	289	1,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia	faecis	288	1,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Fusicatenibacter	saccharivorans	288	1,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	finegoldii	267	0,96%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia	inulinivorans	262	0,94%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium		252	0,90%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae			234	0,84%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	vulgatus	218	0,78%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus	faecis	206	0,74%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	stercoris	198	0,71%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Chitinophagaceae			188	0,67%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus	lactaris	170	0,61%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Butyricimonas	virosa	167	0,60%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Odoribacter	splanchnicus	167	0,60%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	eligens	165	0,59%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Barnesiella	intestinalihominis	165	0,59%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	succinatutens	165	0,59%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	wexlerae	160	0,57%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Gemmiger	formicilis	154	0,55%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Anaerostipes		138	0,49%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	aerofaciens	136	0,49%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lactobacillus	rogosae	132	0,47%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	putredinis	128	0,46%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Parabacteroides	distasonis	123	0,44%
Bacteria	Lentisphaerae	Lentisphaeria	Victivallales	Victivallaceae	Victivallis	vadensis	123	0,44%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia	intestinalis	119	0,43%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Oscillibacter		112	0,40%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	Pseudomonas		97	0,35%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	shahii	96	0,34%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	hallii	96	0,34%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	onderdonkii	94	0,34%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae	Pseudopedobacter	saltans	93	0,33%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Butyricimonas	paravirosa	91	0,33%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Pseudobacteroides		91	0,33%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium_IV		89	0,32%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Dorea	longicatena	88	0,32%
Bacteria							85	0,30%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Pseudoscardovia		84	0,30%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Acidaminococcus	intestinalis	83	0,30%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	caccae	81	0,29%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Coprobacter	fastidiosus	78	0,28%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Slackia	piriformis	77	0,28%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium_XIVa		70	0,25%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Bilophila	wadsworthia	69	0,25%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	uniformis	65	0,23%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	brevis	65	0,23%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	faecis	58	0,21%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia		58	0,21%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Veillonella	dispar	57	0,20%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae			55	0,20%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Veillonella		54	0,19%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia		53	0,19%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Neglecta	timonensis	51	0,18%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella		49	0,18%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Oscillibacter	sp.	49	0,18%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Acidaminococcus		47	0,17%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	finegoldii	44	0,16%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	obesi	44	0,16%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	callidus	44	0,16%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella		44	0,16%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Herbaspirillum		39	0,14%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales				34	0,12%

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	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus	torques	34	0,12%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	ventriosum	33	0,12%
Bacteria	Firmicutes						32	0,11%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Negativibacillus	massiliensis	29	0,10%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	coprostanoligenes	28	0,10%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Fodincurvata		28	0,10%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae			28	0,10%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	fragilis	28	0,10%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	lactatifermentans	27	0,10%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_incertae_sedis	Proteiniborus	ethanoligenes	27	0,10%
Bacteria	Bacteroidetes						26	0,09%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Flavonifractor	plautii	26	0,09%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	pacaense	26	0,09%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	stercoris	26	0,09%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	indistinctus	26	0,09%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales				25	0,09%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Flintibacter	butyricus	24	0,09%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Haemophilus	parainfluenzae	24	0,09%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Veillonella	atypica	24	0,09%
Bacteria	Cyanobacteria/Chloroplast	Chloroplast	Unclassified	Chloroplast	Streptophyta		23	0,08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XIV	Anaerobranca		23	0,08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Coprococcus	comes	22	0,08%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia	sp.	22	0,08%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Coprobacter		21	0,08%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Clostridium_XVIII		21	0,08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	ramulus	21	0,08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	obeum	21	0,08%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Acinetobacter		20	0,07%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia	hominis	19	0,07%
Bacteria	Armatimonadetes	Chthonomonadetes	Chthonomonadales	Chthonomonadaceae	Uncultured	bacterium	19	0,07%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Subdoligranulum	variable	19	0,07%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	stercora	19	0,07%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	cellulosolvens	19	0,07%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus		19	0,07%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnobacterium	bovis	19	0,07%
Bacteria	Candidatus_Saccharibacteria	Unclassified	Unclassified	Unclassified	TM7	phylum	18	0,06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnospira	multipara	18	0,06%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	plebeius	18	0,06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_2	Alkaliphilus		18	0,06%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Turicomonas	muris	17	0,06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	desmolans	17	0,06%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	corporis	17	0,06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	leptum	17	0,06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	uniforme	17	0,06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	methylopentosum	17	0,06%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Sphingomonas	flava	16	0,06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	luti	16	0,06%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Culturomica	massiliensis	16	0,06%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	thetaitaomicron	16	0,06%
Bacteria	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	mortiferum	16	0,06%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella		15	0,05%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella		15	0,05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Papillibacter	cinnamivorans	15	0,05%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium		14	0,05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Butyrivibrio	crossotus	14	0,05%
Bacteria	Cyanobacteria/Chloroplast	Cyanobacteria	Unclassified	Family_I	Gpl		14	0,05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Eubacterium	siraeum	14	0,05%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Butyricimonas		14	0,05%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfobivirionales	Desulfobivirionaceae	Desulfobivibrio	piger	14	0,05%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae			13	0,05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Pseudoflavonifractor	capillosus	13	0,05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Dorea	formicigenerans	13	0,05%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	nordii	13	0,05%
Bacteria	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	necrogenes	13	0,05%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Gabonibacter	massiliensis	13	0,05%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	eggerthii	12	0,04%
Bacteria	Candidatus_Saccharibacteria	Unclassified	Unclassified	Unclassified	TM7	phylum	12	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Clostridium	spiroforme	12	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Anaerotruncus	colihominis	12	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae			12	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Odoribacter		11	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Coprococcus	eutactus	11	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae			11	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Cuneatibacter	caecimuris	11	0,04%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Duodenibacillus	massiliensis	11	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	ihumii	11	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	champanellensis	11	0,04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	helcogenes	10	0,04%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Dialister	succinatiphilus	10	0,04%

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	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	hathewayi	10	0,04%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Insolitispirillum		9	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptococcaceae_1	Peptococcus	niger	9	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae			9	0,03%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia		9	0,03%
Bacteria	Cyanobacteria/Chloroplast	Chloroplast	Unclassified	Chloroplast	Dioscorea	elephantipes	9	0,03%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Raoulitbacter	massiliensis	9	0,03%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Siccibacter	turicensis	9	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia					9	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Anaerofilum		8	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	rodentium	8	0,03%
Bacteria	Synergistetes	Synergistia	Synergistales	Synergistaceae	Cloacibacillus	evryensis	8	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	xylanisolvens	8	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Parabacteroides	sp.	8	0,03%
Bacteria	Armatimonadetes	Chthonomonadetes	Chthonomonadales	Chthonomonadaceae	Chthonomonas/Armatimonadetes_gp3		8	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Intestinimonas	butyriciproducens	8	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	rectale	8	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	oxidoreducens	7	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Paraprevotella		7	0,03%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Muribaculum	intestinale	7	0,03%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Kiloniellales	Kiloniellaceae	Kiloniella	laminariae	7	0,03%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	wadsworthensis	7	0,03%
Archaea	Euryarchaeota	Methanobacteria	Methanobacteriales	Methanobacteriaceae	Methanobrevibacter		7	0,03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Phoceia	massiliensis	6	0,02%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria					6	0,02%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Bdellovibrionales	Bdellovibrionaceae	Vampirovibrio	chlorellavorus	6	0,02%
Bacteria	Tenericutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	Mycoplasma	neurolyticum	6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Anaerovibrio	lipolyticus	6	0,02%
Bacteria	Synergistetes	Synergistia	Synergistales	Synergistaceae	Cloacibacillus	porcorum	6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	glucerasea	6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XII	Guggenheimella	bovis	6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	producta	6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Caproiciproducens	galactitolivorans	6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	bromii	6	0,02%
Bacteria	Candidatus_Saccharibacteria	Unclassified	Unclassified	Unclassified	TM7	phylum	6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillales_Incertae_Sedis_X	Thermicanus	aegyptius	6	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XIII	Casaltella	massiliensis	5	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	boltaeae	5	0,02%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	bifidum	5	0,02%
Bacteria	Verrucomicrobia	Opitutae	Puniceococcales	Puniceococcaceae	Cerasicoccus		5	0,02%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Parabacteroides		5	0,02%
Archaea	Euryarchaeota	Methanobacteria	Methanobacteriales	Methanobacteriaceae	Methanosphaera	stadtmanae	5	0,02%
Bacteria	Synergistetes	Synergistia	Synergistales	Synergistaceae	Cloacibacillus		5	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Succinilasticum	ruminis	5	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus	gnavus	5	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	flavefaciens	5	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnospiraceae_incertae_sedis		5	0,02%
Archaea	Euryarchaeota	Thermoplasmata	Methanomassiliicoccales	Methanomassiliicoccaceae	Methanomassiliicoccus	luminyensis	5	0,02%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	pleuritidis	5	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae			5	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Frisingicoccus	caecimuris	5	0,02%
Bacteria	Synergistetes	Synergistia	Synergistales	Synergistaceae	Thermovirga	lienii	5	0,02%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Eubacterium	biforme	4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium_III		4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales				4	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Barnesiella		4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Faecalicoccus	acidiformans	4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnospira		4	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Azospirillum		4	0,01%
Bacteria	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium		4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Megasphaera	elsdenii	4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eubacterium	xylanophilum	4	0,01%
Bacteria	Armatimonadetes	Armatimonadia	Armatimonadales	Armatimonadaceae	Armatimonas/Armatimonadetes_gp1		4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus		4	0,01%
Bacteria	Verrucomicrobia	Opitutae	Puniceococcales	Puniceococcaceae	Cerasicoccus	arenae	4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia	cecicola	4	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	acidifaciens	4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillales_incertae_sedis	Bacillus	schlegelii	4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Oribacterium	sinus	4	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Butyricimonas	synergistica	4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Mitsuokella		4	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eisenbergiella	massiliensis	3	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	rava	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	hydrogenotrophica	3	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Cronobacter		3	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Mediterranea	massiliensis	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Oribacterium		3	0,01%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Slackia	isoflavoniconvertens	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	finetarium	3	0,01%

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	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Desulfovibrio	legallii	3	0,01%
Bacteria	Elusimicrobia	Elusimicrobia	Elusimicrobiales	Elusimicrobiaceae	Elusimicrobium	minutum	3	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae	Pedobacter		3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Anaerotruncus		3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae			3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus	iners	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae	Romboutsia	timonensis	3	0,01%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Eggerthella		3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Megamonas	funiformis	3	0,01%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Propionibacteriaceae	Propioniferax	innocua	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Colidextribacter	massiliensis	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Moryella	indoligenes	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Howardella	ureilytica	3	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Holdemania	filiformis	3	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Mailhella	massiliensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Megamonas		2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae			2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Desulfovibrio		2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	cellulosi	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Vagococcus	lutrae	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Emergencia	timonensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Megasphaera	micronuciformis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Anaerotruncus	rubiinfantis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Leuconostocaceae	Weissella		2	0,01%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Senegalimassilia	anaerobia	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Parabacteroides	johnsonii	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Sporobacterium	olearium	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae			2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	citroniae	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prolixibacteraceae			2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Succinivibrio	dextrinosolvens	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	maculosa	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Pseudobutyrvibrio			2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_III	Caldicellulosiruptor	owensensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ethanoligenens	harbinense	2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfomicrobiales	Desulfomicrobiaceae	Desulfomicrobium		2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Robinsoniella	peoriensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Massiliomicrobiota	timonensis	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Mucinivorans	hirudinis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Cellulosilyticum	lentocellum	2	0,01%
Bacteria	Tenericutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	Mycoplasma	conjunctivae	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Turicibacter	sanguinis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Unclassified	Vallitalea	pronyensis	2	0,01%
Bacteria	Tenericutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	Mycoplasma		2	0,01%
Bacteria	Cyanobacteria/Chloroplast	Chloroplast	Unclassified	Chloroplast	Oenothera	argillicola	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Hydrogenoanaerobacterium	saccharovorans	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Marseilla	massiliensis	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	caecimuris	2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Salmonella		2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Extibacter	muris	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	albus	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus	torques	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Megasphaera	massiliensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XIII	Ihubacter	massiliensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XIII	Mogibacterium		2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Butyricimonas	faecihominis	2	0,01%
Bacteria	Synergistetes	Synergistia	Synergistales	Synergistaceae	Anaerobaculum		2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Salmonella	enterica	2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	Emticia		2	0,01%
Bacteria	Candidatus_Saccharibacteria	Unclassified	Unclassified	Unclassified	Saccharibacteria_genera_incertae_sedis		2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Parabacteroides	goldsteinii	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eisenbergiella	tayi	2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria					2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	albensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Unclassified	Vallitalea	guaymasensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus2		2	0,01%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Dysgonomonas		2	0,01%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	adolescentis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Pseudoflavonifractor	phocaeensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Acetatifactor	muris	2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria					2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Acetanaerobacterium	elongatum	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Anaeromassilibacillus	senegalensis	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	viride	2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae			2	0,01%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Herbinix	hemicellulosilytica	2	0,01%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Citrobacter		2	0,01%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardiopsaceae	Salinactinopora	qingdaonensis	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium		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	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae_1	Paenibacillus	brasiliensis	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Flammeovirgaceae	Thermonema		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XII	Acidaminobacter	hydrogeniformans	1	0,00%
Bacteria	Parcubacteria	Unclassified	Unclassified	Unclassified	Uncultured	bacterium	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Leuconostocaceae	Leuconostoc		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae_2	Tenuibacillus	multivorans	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	pyruvativorans	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_1	Caloramator	mitchellensis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_1	Clostridium	akagii	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Acetoneuma	longum	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XI	Clostridium_XII		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Hellobacteriaceae	Heliophilum		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_1	Clostridium	intestinale	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	intestinalis	1	0,00%
Bacteria	Cyanobacteria/Chloroplast	Chloroplast	Unclassified	Chloroplast	Scenedesmus	obliquus	1	0,00%
Bacteria	Verrucomicrobia	Opitutae	Puniceococcales	Puniceococcaceae	Cerasicoccus	frondis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	polysaccharolyticum	1	0,00%
Bacteria	Armatimonadetes	Unclassified	Unclassified	Unclassified	Uncultured	bacterium	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Longibaculum	muris	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	caecigallinarum	1	0,00%
Bacteria	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Rubritaleaceae	Rubritalea	tangerina	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	Succinispira	mobilis	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Lautropia	mirabilis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Butyricoccus	pulliaecorum	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	jejuni	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Macellibacteroides		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Marvinbryantia	formatexigens	1	0,00%
Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria_Gp15	Unclassified	Unclassified	Gp15		1	0,00%
Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	Gemmatimonas		1	0,00%
Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Anaerolineales	Anaerolineaceae	Anaerolinea	thermolimosa	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Holdemania	massiliensis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_1	Youngiibacter		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Catonella	morbi	1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Rubrobacterales	Rubrobacteraceae	Rubrobacter		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	Pseudomonas	guangdongensis	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales				1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Comamonas		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Selenomonas	noxia	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus	ruminis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Butyrivibrio		1	0,00%
Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria_Gp6	Unclassified	Unclassified	Gp6		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Pasteurella		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	propionicifaciens	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	gallinarum	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	porcinus	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Odoribacter	laneus	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Schlegella		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prolixibacteraceae	Meniscus	glaucoptis	1	0,00%
Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria_Gp17	Unclassified	Unclassified	Uncultured	acidobacteria	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Mordavella	massiliensis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	scindens	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales				1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Kosakonia		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Oxalobacter	formigenes	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Anaerobium	acetethylicum	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XII	Fusibacter		1	0,00%
Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria_Gp4	Unclassified	Unclassified			1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae			1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	xylanovorans	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_IV	Caldicoprobacter		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	Halomonas	neptunia	1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	intestinalis	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Parasutterella	secunda	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Buttiauxella	ferrugutiae	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	callanderi	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	hylemonae	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillales_incertae_sedis	Hydrogenibacillus		1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Erwinia		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	bryantii	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	caenicola	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiales_Incertae_Sedis_XI	Clostridium	purinilyticum	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Chitinophagaceae	Niabella	aurantiaca	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Sporomusa	intestinalis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Pseudobutyrvibrio	ruminis	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Rhodospirillaceae	bacterium	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	symbiosum	1	0,00%
Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria_Gp5	Unclassified	Unclassified	Gp5		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Megamonas	hypermegale	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	Burkholderiales	Comamonadaceae	Comamonadaceae	bacterium	1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	tanakaei	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Dialister	invisus	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Selenomonas	bovis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_3	Brassicibacter	mesophilus	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Clostridium	alkalicellulosi	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae	Clostridium_XI		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnoanaerobaculum		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	fragilis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Unclassified	Vallitalea		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Rhodothermaceae			1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Gordonibacter		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Mageeibacillus	indolicus	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Parasporobacterium	paucivorans	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Cruoricaptor	ignavus	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Psychroflexus	sp.	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_4			1	0,00%
Bacteria	Armatimonadetes	Unclassified	Unclassified	Unclassified	Armatimonadetes_gp2		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Massiliprevotella	massiliensis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Mitsuokella	jalaludinii	1	0,00%
Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria_Gp3	Unclassified	Unclassified	Uncultured	bacterium	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Drancourtella	massiliensis	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	gauvreauii	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillales_Incertae_Sedis_XI	Gemella	asaccharolytica	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Clostridium	glycyrrhizinilyticum	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	fluxus	1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cyclobacteriaceae	Nitritalea		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Muricomes	intestinali	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Veillonellaceae	Anaeroglobus		1	0,00%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardiaceae	Nocardia	seriolae	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Raoultella		1	0,00%
Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria_Gp5	Unclassified	Unclassified	Uncultured	soil	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus		1	0,00%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Prevotella	shahii	1	0,00%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Phaeospirillum		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_1	Clostridium_sensu_stricto		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Halanaerobiales	Halobacteroidaceae	Sporohalobacter		1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Acetivibrio	ethanolgignens	1	0,00%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae_4	Caminicella	sporogenes	1	0,00%