



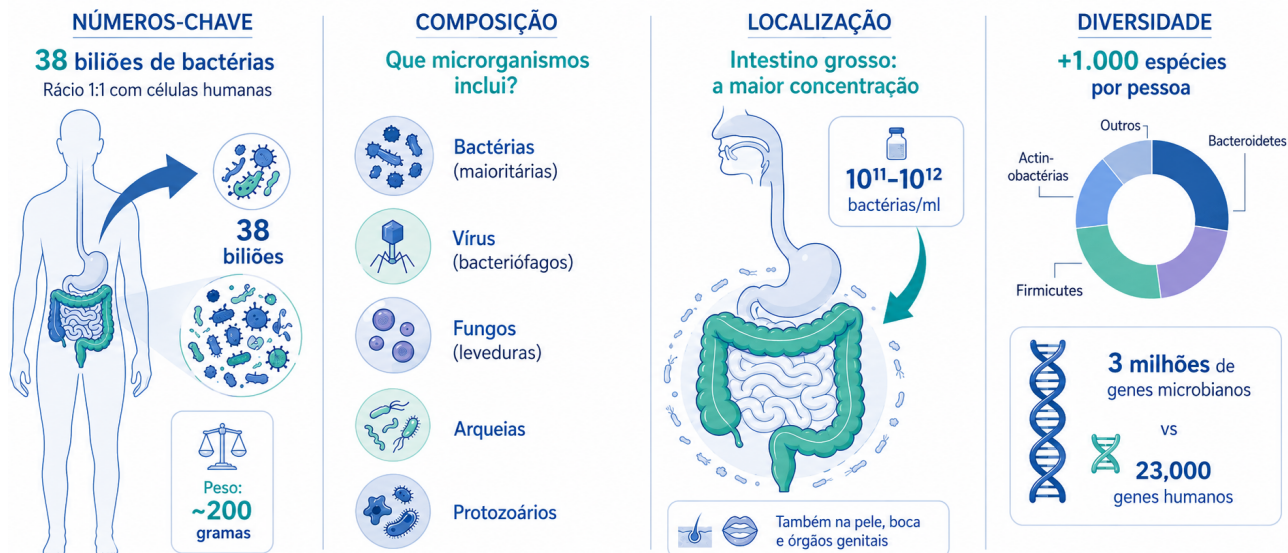
Teste Microbiota Intestinal

METAGENÓMICA

My Biota

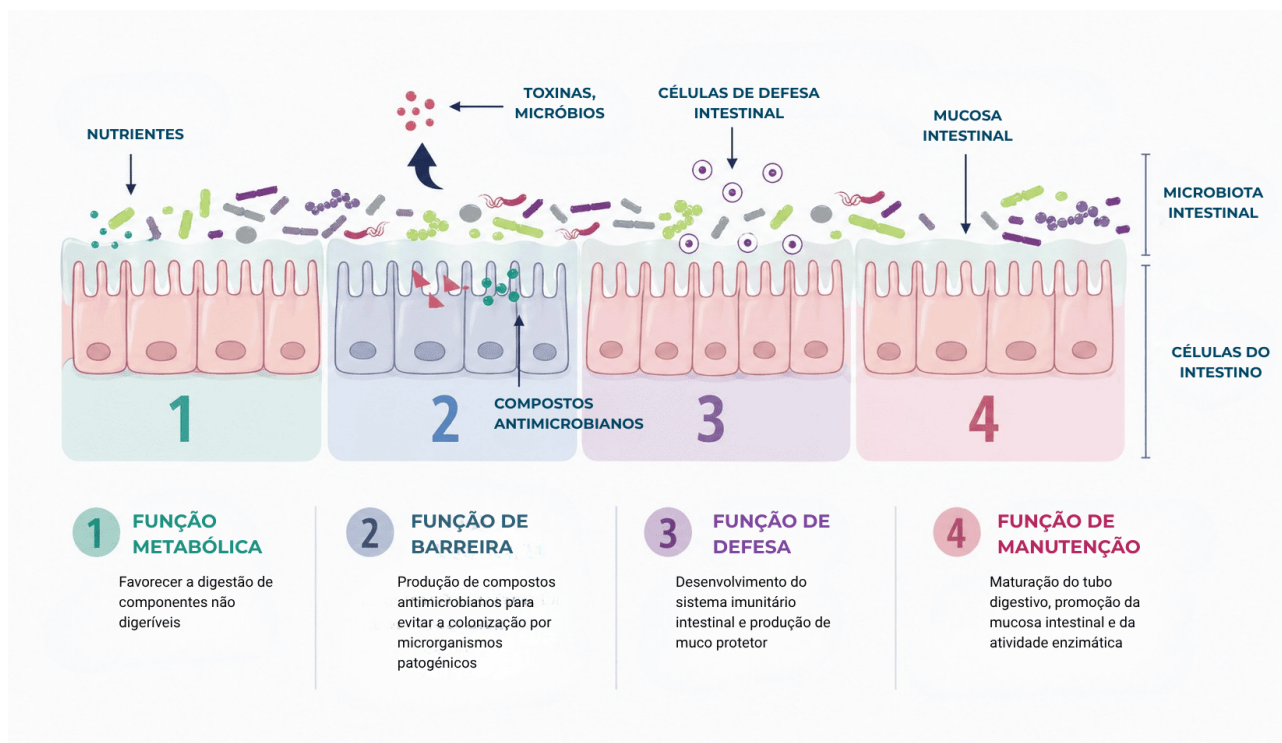
Microbioma intestinal

O microbioma intestinal refere-se ao conjunto de microrganismos que habitam no intestino humano, incluindo bactérias, arqueias, fungos e vírus.



Funções

Estes microrganismos desempenham um papel fundamental na saúde, participando em funções como a digestão, a produção de metabolitos, a regulação do sistema imunitário e a proteção contra patogênicos. O equilíbrio entre estas comunidades microbianas é fundamental para o bem-estar geral.



Metagenômica:

O que é e quais são os seus benefícios

A metagenômica humana é o estudo do material genético coletivo de todos os microrganismos (bactérias, fungos, vírus e arqueias) que habitam naturalmente no corpo humano.

Este estudo utiliza a técnica de sequenciação de ADN de leituras longas (long reads) que, ao contrário de outras metodologias mais limitadas como a sequenciação do gene 16S rRNA por NGS ou as culturas microbiológicas tradicionais, permite caracterizar o ADN microbiano completo. Isto permite:

- Identificar um maior número de microrganismos, incluindo os que estão em baixa proporção
- Analisar não só que microrganismos estão presentes, mas também as suas funções
- Detetar possíveis patogénicos ou desequilíbrios microbianos
- Avaliar a diversidade intestinal, considerada um marcador importante de saúde

Graças a esta tecnologia, obtém-se uma visão mais completa e precisa do ecossistema intestinal.

	16S	vs	Metagenômica
 ANÁLISE	 Regiões de 16 de setembro		 Todo o DNA microbiano
 RESOLUCIÓN	Gênero Bactérias 		Espécies Bactérias, vírus, fungos e arqueas 
 INFORMAÇÕES FUNCIONAIS	Inferência indireta 		Análise direta do potencial funcional 
	Previsão baseada em bancos de dados 		Genes e vias metabólicas 
 APLICABILIDADE CLÍNICA	Visão geral 		Maior precisão 
	Estudos exploratórios 		Estudo das funções metabólicas 

1. RESUMO GLOBAL

De seguida resume-se o estado dos diferentes domínios funcionais analisados, indicando o resultado obtido e a sua possível implicação clínica.

	Domínio funcional	Resultado	Implicação clínica
	DIVERSIDADE GLOBAL	● Sobrecarregado	A diversidade alta nem sempre é protetora se coexistir com excesso de fermentação, microrganismos orais ou oportunistas.
	HOMEOSTASE INTESTINAL	● Desfavorável	Desequilíbrio conjunto de barreira, imunidade, fermentação e resistência à colonização, com baixa resiliência do ecossistema.
	MUCO INTESTINAL*	● Desfavorável	Predomínio do consumo de mucinas face à sua produção e regulação, com menor proteção do epitélio.
	PERMEABILIDADE INTESTINAL	● Desfavorável	O equilíbrio funcional de muco, epitélio e metabolismo do butirato sugere menor capacidade de contenção perante anti-génios e LPS e não constitui um diagnóstico direto de hiperpermeabilidade.
	EIXO DE INFLAMAÇÃO INTESTINAL E SISTEMA IMUNITÁRIO	● Desfavorável	Excesso relativo de funções produtoras de LPS/pró-inflamatórias e défice de funções anti-inflamatórias, com possível repercussão sobre a mucosa e a ativação imunitária.
	INFEÇÃO	● Desfavorável	A deteção de patogénicos ou oportunistas pode ser clinicamente relevante consoante a espécie, a abundância, os fatores de virulência e os sintomas.
	AMINAS BIOGÉNICAS	● Desfavorável	Maior produção potencial de histamina, cadaverina ou tiramina e/ou menor degradação de histamina, habitualmente associada a proteólise e requer correlação com os sintomas.
	AGCC BENÉFICOS	● Desfavorável	Baixa capacidade potencial para gerar butirato, acetato e propionato, com menor suporte energético do colonócito e da barreira.
	EQUILÍBRIO DO BUTIRATO	● Desfavorável	Desajuste importante entre a produção e o consumo de butirato, com menor disponibilidade potencial para o epitélio cólico.
	PRODUÇÃO DE GASES	● Desfavorável	Desequilíbrio de hidrogénio, metano e/ou sulfureto de hidrogénio que pode associar-se a distensão, trânsito lento ou irritação consoante o gás predominante.
	METABOLISMO SACAROLÍTICO	● Equilibrado	A produção e o consumo de lactato e succinato mantêm um fluxo metabólico equilibrado.
	METABOLISMO DAS GORDURAS	● Equilibrado	A transformação microbiana de ácidos biliares encontra-se dentro de um equilíbrio fisiológico.

	METABOLISMO DAS PROTEÍNAS	● Desfavorável	Excesso potencial de amônio, p-cresol, cadaverina e outros metabolitos proteolíticos, com possível irritação da mucosa.
	ESPÉCIES PROBIÓTICAS	● Equilibrado	Presença equilibrada de espécies com funções probióticas.
	MICROBIOTA	● Ausência	Não se detecta um sinal fúngico significativo e a ausência na amostra não exclui totalmente a colonização.
	PARASITAS	● Ausência	Não se detectam parasitas relevantes nesta amostra e tal não exclui infecção se a eliminação for intermitente.
	METABOLISMO DOS ESTROGÊNIOS	● Desfavorável	Desequilíbrio entre a desconjugação, a eliminação e a transformação dos estrogênios, com possível modificação da sua recirculação entero-hepática.
	VITAMINAS	● Desfavorável	Baixa capacidade potencial para produzir folatos, menaquinonas e/ou compostos relacionados com a B12 e não permite inferir o estado sistêmico.
	NEUROTRANSMISSORES	● Equilibrado	As vias neuroativas microbianas encontram-se dentro de um equilíbrio fisiológico.
	EIXO INTESTINO-CÉREBRO	● Equilibrado	Equilíbrio adequado de barreira, inflamação e metabolitos derivados do triptofano.
	EIXO INTESTINO-PELE	● Equilibrado	Equilíbrio adequado entre barreira, imunidade e funções protetoras da pele.
	EIXO INTESTINO-CORAÇÃO	● Equilibrado	Equilíbrio adequado entre a produção e o consumo microbiano de TMA.
	EIXO INTESTINO-FÍGADO	● Equilibrado	Equilíbrio adequado de barreira, endotoxinas e metabolismo biliar.
	INTOLERÂNCIAS ALIMENTARES	● Equilibrado	Capacidade funcional compatível com tolerância, sem excluir alterações do hospedeiro.

*O equilíbrio funcional entre as bactérias que mantêm e as que degradam o muco, juntamente com o equilíbrio entre produtoras e consumidoras de butirato, constitui um dos principais determinantes microbiológicos da manutenção da barreira intestinal e do risco de aumento da permeabilidade intestinal.

INTERPRETAÇÃO DO RESULTADO

● DESAVORÁVEL	Perfil microbiano alterado, associado a uma possível repercussão funcional e clínica desfavorável.
● LIGEIRAMENTE DESFAVORÁVEL	Alterações ligeiras relativamente ao intervalo de referência, com possível repercussão funcional.
● EQUILIBRADO	Perfil microbiano dentro do intervalo de referência, sem alterações funcionais relevantes.
● FAVORÁVEL	Perfil microbiano compatível com uma contribuição funcional benéfica.

COMO SE OBTÉM ESTA CLASSIFICAÇÃO?

A classificação obtém-se comparando o perfil microbiano de cada domínio funcional com uma coorte de referência de indivíduos saudáveis. O resultado reflete o estado global do domínio avaliado.

METABOLITOS MICROBIANOS

Os metabólitos microbianos são compostos produzidos pela microbiota intestinal durante a sua atividade metabólica. Estes metabólitos desempenham um papel fundamental na comunicação entre o intestino e outros órgãos, participando em processos como a regulação imunitária, a integridade da barreira intestinal, o metabolismo e o eixo intestino-cérebro. A sua análise permite compreender melhor o impacto funcional do microbioma sobre a saúde.

Nesta tabela mostram-se apenas os metabólitos com resultados desfavoráveis ou ligeiramente desfavoráveis. Os metabólitos dentro do equilíbrio funcional não são incluídos

Metabolito	Estado	Bactérias*	Função afetada	Interpretação
Amónio / Amoníaco	Alto	<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	Produtora de amónio	Maior carga tóxica local, irritação da mucosa e possível sobrecarga de desintoxicação.
Beta-glucuronidase / Estroboloma	Alto	<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Ruminococcus sp. SRI/5</i> , <i>Blautia producta</i>	Produtora de S-EQUOL	Maior desconjugação e recirculação estrogénica; relevante nos sintomas hormonais.
GABA	Alto	<i>Alistipes indistinctus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	Produtora de GABA	O excesso nem sempre é clinicamente útil; interpretar em conjunto com a microbiota e os sintomas.
H ₂ S / Sulfureto de hidrogénio	Alto	<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	Produtora de sulfureto de hidrogénio	Pode associar-se a gases sulfurados, irritação da mucosa, diarreia ou inflamação contextual.
Hidrogénio	Alto	<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Bacteroides nordii</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	Produtora de hidrogénio	Pode associar-se a distensão, gases e fermentação excessiva.
Histamina	Alto	<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	Produtora de histamina	Pode contribuir para cefaleia, urticária, rinite, diarreia, ansiedade ou reatividade alimentar.
LPS / Endotoxina	Alto	<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	Produtora de lipopolissacáridos (LPS)	Maior risco de inflamação de baixo grau, permeabilidade e ativação imunitária.
Succinato	Alto	<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Alistipes shahii</i>	Produtoras de succinato	Associa-se a fermentação incompleta, possível inflamação e disbiose gram-negativa contextual.
Butirato	Baixo	<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	Consumidora de butirato	Menor suporte da barreira, menor tónus anti-inflamatório e maior vulnerabilidade da mucosa.
Mucina / degradação da mucosa	Baixo	<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	Consumidora de muco	Pode refletir baixa atividade mucolítica; avaliar Akkermansia no contexto.

* A tabela recolhe as bactérias relacionadas com cada função cuja abundância se encontra fora dos intervalos de referência.

INTERPRETAÇÃO DO RESULTADO

● DESAVORÁVEL	Alteração relevante do metabólito relativamente ao perfil de referência, com potencial repercussão sobre as funções microbianas associadas
● LIGEIRAMENTE DESAVORÁVEL	Alteração moderada do metabólito relativamente ao perfil de referência, indicativa de um desequilíbrio funcional de menor intensidade

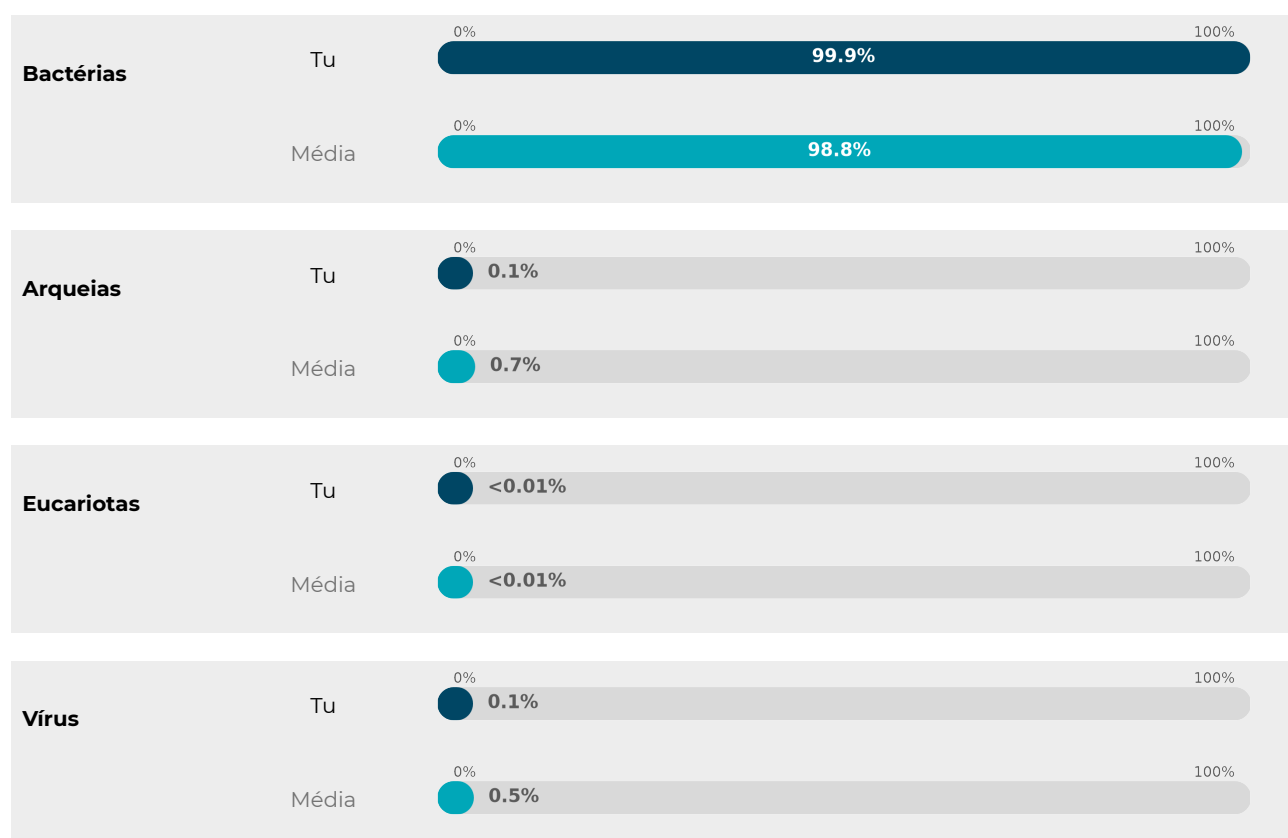
2. COMPOSIÇÃO DA AMOSTRA

Esta secção resume os principais indicadores de qualidade e equilíbrio da tua microbiota intestinal. Através destes parâmetros avaliamos a riqueza, o equilíbrio entre grupos bacterianos chave e a diversidade de microrganismos global, permitindo obter uma visão geral do estado do teu ecossistema intestinal.

Parâmetro	Intervalos de referência	Resultado
Diversidade (Índice de Shannon)	2.15-3.42	3.69
Rácio <i>Firmicutes</i> / <i>Bacteroidetes</i>	1-10	0.27
Riqueza	200-800	432

A maior parte do ADN presente na amostra corresponde a microrganismos, especialmente bactérias. Além de outros grupos como arqueias, eucariotas e vírus.

De seguida mostra-se a **proporção de grupos taxonómicos** presentes na tua amostra em comparação com os valores médios da base de dados de referência.



3. BLOCO MICROBIOLÓGICO

Top 20 espécies por abundância

De seguida mostram-se as **20 espécies com maior abundância relativa detetadas** na amostra, juntamente com a sua classificação taxonómica, a sua abundância e o intervalo de referência correspondente.

Microrganismo	Domínio	Referência (%)	Abundância (%)
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	Bactéria	0.000 – 15.430	20.952
<i>Bacteroides salyersiae</i>	Bactéria	0.000 – 0.315	6.047
<i>Alistipes putredinis</i>	Bactéria	0.000 – 8.339	5.059
<i>Bacteroides ovatus</i>	Bactéria	0.000 – 2.012	4.097
<i>Bacteroides stercoris</i>	Bactéria	0.000 – 4.875	4.086
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	Bactéria	0.000 – 1.132	3.458
<i>Akkermansia muciniphila</i>	Bactéria	0.000 – 4.192	3.070
<i>Bacteroides uniformis</i>	Bactéria	0.011 – 14.355	3.042
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	Bactéria	0.000 – 0.613	2.829
<i>Alistipes shahii</i>	Bactéria	0.000 – 0.643	2.728
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	Bactéria	0.959 – 12.099	2.575
<i>Bilophila wadsworthia</i>	Bactéria	0.000 – 0.139	2.070
<i>Bacteroides caccae</i>	Bactéria	0.000 – 2.288	1.940
<i>Segatella copri</i>	Bactéria	0.000 – 35.000	1.913
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	Bactéria	0.000 – 1.014	1.761
<i>[Ruminococcus] lactaris</i>	Bactéria	0.000 – 1.243	1.731
<i>Parabacteroides distasonis</i>	Bactéria	0.000 – 2.902	1.688
<i>Phocaeicola dorei</i>	Bactéria	0.000 – 7.980	1.670
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	Bactéria	0.000 – 1.933	1.646
<i>Alistipes finegoldii</i>	Bactéria	0.000 – 1.732	1.530

BACTÉRIAS

Nesta secção apresenta-se uma **visão geral da composição bacteriana do microbioma intestinal**. Incluem-se as bactérias cuja abundância se encontra fora do intervalo de referência (elevadas ou diminuídas), indicando para cada uma delas a sua abundância relativa, o intervalo de referência e a sua possível relevância funcional.

Bactérias elevadas

Mostram-se as **espécies cuja abundância é superior ao intervalo de referência**. Em função do contexto clínico, estas alterações podem associar-se a alterações funcionais relevantes do ecossistema intestinal.

Microrganismo	Referência (%)	Abundância (%)	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i>	0.0 – 0.315	6.047	Produtora de hidrogénio, Produtoras de BCFA, Produtora de indol
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.0 – 0.01	0.755	Produtora de lipopolissacáridos (LPS), Produtora de propionato, Produtoras de succinato
<i>Bilophila wadsworthia</i>	0.0 – 0.139	2.07	Produtora de sulfureto de hidrogénio, Pró-inflamatória, Produtora de lipopolissacáridos (LPS)
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	0.0 – 0.613	2.829	Produtora de propionato, Consumidoras de succinato
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	0.0 – 0.043	0.621	Imunomoduladora
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	0.0 – 0.0	0.203	Produtora de sulfureto de hidrogénio, Consumidora de butirato
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	0.0 – 0.472	1.161	Produtora de acetato, Produtoras de succinato, Produtora de trimetilamina
<i>Parabacteroides goldsteinii</i>	0.0 – 0.085	0.293	Produtoras de BCFA
<i>Alistipes shahii</i>	0.0 – 0.643	2.728	Produtora de butirato, Produtoras de succinato, Produtora de indol
<i>Bacteroides nordii</i>	0.0 – 0.005	0.182	Produtora de hidrogénio, Produtoras de BCFA

Bactérias diminuídas

Mostram-se as **espécies cuja abundância é inferior ao intervalo de referência**. A sua redução pode indicar uma menor representação de microrganismos.

Microrganismo	Referência (%)	Abundância (%)	Impacto funcional
<i>Bacteroides sp. ZJ-18</i>	8.0 – 45.0	0.002	Sem categoria funcional descrita
<i>Bacteroides sedimenti</i>	8.0 – 45.0	0.004	Sem categoria funcional descrita
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	8.0 – 45.0	0.005	Produtora de hidrogénio, Produtoras de BCFA
<i>Bacteroides maternus</i>	8.0 – 45.0	0.006	Sem categoria funcional descrita
<i>Bacteroides zoogloeiformans</i>	8.0 – 45.0	0.008	Produtoras de BCFA
<i>Bacteroides helcogenes</i>	8.0 – 45.0	0.01	Produtora de hidrogénio, Produtoras de BCFA
<i>Bacteroides pyogenes</i>	8.0 – 45.0	0.016	Sem categoria funcional descrita
<i>Bacteroides mucinivorans</i>	8.0 – 45.0	0.017	Sem categoria funcional descrita
<i>Bacteroides sp. HF-162</i>	8.0 – 45.0	0.036	Sem categoria funcional descrita
<i>Bacteroides caecimuris</i>	8.0 – 45.0	0.04	Produtora de hidrogénio, Produtoras de BCFA

FUNGOS E LEVEDURAS

Nesta secção avalia-se a **presença de fungos e leveduras potencialmente relevantes** dentro do microbioma intestinal. Embora façam parte do ecossistema microbiano em baixas abundâncias, um crescimento excessivo de determinadas espécies pode associar-se a processos de disbiose e alterações da saúde intestinal.



Não foram detectados fungos ou leveduras em níveis significativos na amostra analisada.

Painel analisado	Resultado
48 espécies	Não detetadas

Géneros analisados:

Aspergillus spp., Blastomyces spp., Candida spp., Clavispora spp., Coccidioides spp., Cryptococcus spp., Debaryomyces spp., Fusarium spp., Galactomyces spp., Geotrichum spp., Histoplasma spp., Kluyveromyces spp., Malassezia spp., Meyerozyma spp., Mucor spp., Paracoccidioides spp., Penicillium spp., Pichia spp., Rhizopus spp., Rhodotorula spp., Saccharomyces spp., Trichosporon spp., Yarrowia spp.

Ver ANEXO II para a lista completa das espécies analisadas.

PARASITAS

Nesta secção analisa-se a **presença de parasitas intestinais de interesse clínico** através de técnicas de sequenciação metagenómica. A deteção destes microrganismos pode ser útil no estudo de processos gastrointestinais e outras alterações associadas.



Não foram detectados parasitas em níveis significativos na amostra analisada.

Painel analisado	Resultado
33 espécies	Não detetadas

Géneros analisados:

Ancylostoma spp., Anisakis spp., Ascaris spp., Blastocystis spp., Chilomastix spp., Cryptosporidium spp., Cyclospora spp., Cystoisospora spp., Dientamoeba spp., Diphyllbothrium spp., Endolimax spp., Entamoeba spp., Enterobius spp., Fasciola spp., Giardia spp., Hymenolepis spp., Iodamoeba spp., Isospora spp., Microsporidia, Necator spp., Pentatrichomonas spp., Schistosoma spp., Strongyloides spp., Taenia spp., Toxoplasma spp., Trichuris spp., Trypanosoma spp.

Ver ANEXO II para a lista completa das espécies analisadas.

VÍRUS

Nesta secção apresentam-se os **vírus identificados na amostra intestinal**. A maior parte dos vírus detetados corresponde ao viroma intestinal, composto principalmente por bacteriófagos, microrganismos que infetam bactérias e desempenham um papel importante no equilíbrio e na regulação da microbiota.

Vírus	Abundância (%)
<i>uncultured phage cr23_1</i>	0.0204
<i>Faecalibacterium phage FP_Brigit</i>	0.0061
<i>Wujia chipingensis</i>	0.0031
<i>uncultured phage cr13_1</i>	0.002
<i>Klebsiella phage KP8</i>	0.0015
<i>Carjivirus communis</i>	0.0015
<i>Jahgtovirus gastrointestinalis</i>	0.0014

GENES DE RESISTÊNCIA

Estes genes constituem o denominado resistoma intestinal, um conjunto de determinantes genéticos que podem conferir resistência a diferentes famílias de antibióticos e cuja presença reflete o potencial de resistência do ecossistema microbiano.

A deteção destes genes não implica necessariamente que exista uma infeção nem que os microrganismos presentes sejam resistentes do ponto de vista clínico, mas sim que fornece informação sobre o perfil genético de resistência da microbiota e deve interpretar-se sempre no contexto clínico e microbiológico do doente.

Gene	Família de antibiótico	Portador principal	Reads
tet_Q	TETRACYCLINE	Bacteroidota	261
mef_En2	MACROLIDE	Unclassified (no Kraken2)	157
aadE	AMINOGLYCOSIDE	Unclassified (no Kraken2)	82
lnu_AN2	LINCOSAMIDE	Bacteroidota	74
tet_32	TETRACYCLINE	Bacillota	70
catA13	PHENICOL	Unclassified (no Kraken2)	57

4. FUNCIONALIDADE

Nesta secção apresentam-se as principais funções avaliadas do microbioma intestinal. Para cada função mostram-se os microrganismos desequilibrados, o sentido da alteração relativamente ao intervalo de referência e a sua possível repercussão funcional.

INTERPRETAÇÃO DO RESULTADO

DESFAVORÁVEL

↑ Elevado	Alteração acima do intervalo de referência com possível repercussão funcional desfavorável.
↓ Diminuído	Alteração abaixo do intervalo de referência com possível repercussão funcional desfavorável.

LIGEIRAMENTE DESFAVORÁVEL

↑ Elevado	Alteração ligeira acima do intervalo de referência com possível repercussão funcional desfavorável.
↓ Diminuído	Alteração ligeira abaixo do intervalo de referência com possível repercussão funcional desfavorável.

FAVORÁVEL

↑ Elevado	Alteração acima do intervalo de referência associada a uma repercussão funcional favorável.
↓ Diminuído	Alteração abaixo do intervalo de referência associada a uma repercussão funcional favorável.

EQUILIBRADO

↔ Dentro do intervalo	Sem alterações fora do intervalo de referência.
-----------------------	---

NOTA: A presença de bactérias desequilibradas não implica necessariamente uma alteração do estado global da função.



HOMEOSTASE INTESTINAL

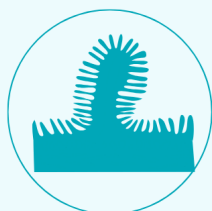
Avalia a capacidade da microbiota de manter o equilíbrio intestinal e proteger a integridade da barreira epitelial

»» BARREIRA INTESTINAL

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Blautia obeum</i> , <i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	↔	Reforçam as junções apertadas do epitélio intestinal; protegem contra a entrada de antígenos na corrente sanguínea.

»» BACTÉRIAS BUCAIS

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Streptococcus pasteurianus</i>	↑	A sua presença destacada sugere translocação a partir da boca; assinala alterações do trânsito ou da saúde oral.



MUCO INTESTINAL

Avalia a atividade de microrganismos envolvidos na preservação, estimulação e degradação da camada de muco intestinal

»» CONSUMIDORA DE MUCO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	↑	Degradam a camada de muco protetor; o seu excesso afina a barreira e favorece a hiperpermeabilidade intestinal.

»» REGULADORA DO MUCO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Akkermansia muciniphila</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	↔	Mantêm o equilíbrio entre produção e renovação do muco; fundamental para uma mucosa intestinal saudável.

»» ESTIMULADORA DO MUCO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Butyricimonas virosa</i> , <i>Subdoligranulum variabile</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	↔	Reforçam ativamente a camada de muco protetor; a sua presença associa-se a uma mucosa intestinal mais resiliente.



EIXO DE INFLAMAÇÃO INTESTINAL E SISTEMA IMUNITÁRIO

Avalia a capacidade do microbioma de manter um equilíbrio adequado entre a tolerância imunológica e a resposta inflamatória

» IMUNOMODULADORA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Parabacteroides johnsonii</i> , <i>Blautia pseudococcoides</i> , <i>Blautia sp. SC05B48</i>	↔	Educam o sistema imunitário favorecendo a tolerância (Tregs, IL-10); o seu déficit associa-se a respostas imunitárias desreguladas.

» PRODUTORA DE LIPOPOLISSACÁRIDOS (LPS)

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	↑	Libertam endotoxina LPS; o seu excesso pode atravessar a barreira intestinal e desencadear inflamação sistêmica.

» PRÓ-INFLAMATÓRIA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	↑	Ativam vias inflamatórias (TNF- α , IL-6); a sua sobre-representação associa-se a inflamação intestinal de baixo grau.

» ANTI-INFLAMATÓRIA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Faecalibacterium taiwanense</i> , <i>Faecalibacterium duncaniae</i>	↔	Travam a ativação inflamatória local; um déficit deixa o ecossistema sem contrapeso ao perfil pró-inflamatório.

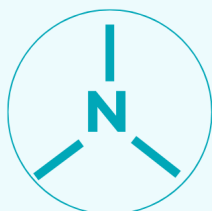


INFEÇÃO

Avaliar a presença de microrganismos com potencial patogênico ou oportunista que possam alterar o equilíbrio do ecossistema intestinal

»» PATOGENICOS

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Clostridium perfringens</i> , <i>Enterocloster clostridioformis</i>	↑	Patogénicos potenciais; em níveis relevantes podem causar infeção sintomática ou ser cofatores de inflamação crónica.



AMINAS BIOGÉNICAS

Avaliar o potencial microbiano para produzir ou degradar aminas biogênicas, como a histamina, derivadas do metabolismo de aminoácidos

»» PRODUTORA DE ESPERMIDINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides ovatus</i>	↔	Produzem espermidina, poliamina com efeito autofágico, antienvhecimento e melhorador da barreira intestinal.

»» CONSUMIDORA DE HISTAMINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Bacteroides fragilis</i> , <i>Bifidobacterium longum</i>	↔	Degradam a histamina libertada no intestino; protegem contra sintomas de intolerância ou sensibilidade.

»» PRODUTORA DE HISTAMINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	↑	Libertam histamina; em pessoas com baixa tolerância pode induzir comichão, cefaleia ou sintomas digestivos.

»» PRODUTORA DE CADAVERINA

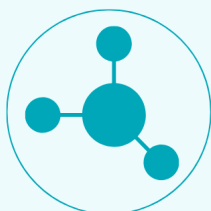
Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i>	↑	Produzem cadaverina, uma amina biogénica marcadora de putrefação proteica intestinal.

»» PRODUTORA DE PUTRESCINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Escherichia coli</i>	↑	Geram putrescina; em excesso indica fermentação proteica excessiva e stress sobre a mucosa.

»» PRODUTORA DE TIRAMINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Enterococcus faecalis</i>	↔	Produzem tiramina; em excesso pode causar crises hipertensivas (interação IMAO) e enxaqueca em indivíduos sensíveis.



AGCC BENÉFICOS

Avalia o potencial da microbiota para produzir ácidos graxos de cadeia curta benéficos, principalmente acetato, propionato e butirato

»» PRODUTORA DE FORMATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Blautia luti</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	↑	Produzem formato como subproduto fermentativo; substrato para metanogénicos e acetogénicos via Wood-Ljungdahl.

»» PRODUTORA DE BUTIRATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes shahii</i> , <i>Butyricimonas virosa</i> , [<i>Clostridium</i>] <i>symbiosum</i>	↔	Produzem butirato, principal fonte de energia do colonócito; reforça a barreira intestinal e modula a inflamação local.

»» PRODUTORA DE ACETATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Alistipes indistinctus</i>	↔	Fornecem acetato, substrato cruzado para produtores de butirato e modulador do metabolismo lipídico.

»» PRODUTORA DE PROPIONATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Phascolarctobacterium faecium</i> , <i>Paraprevotella clara</i>	↔	Geram propionato, ácido gordo de cadeia curta com efeito saciante, regulador da glicose e anti-inflamatório sistémico.

»» CONSUMIDORA DE ACETATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Anaerostipes caccae</i> , <i>Blautia hydrogenotrophica</i>	↔	Reciclam acetato para butirato, otimizando o aproveitamento energético do ecossistema intestinal.

»» CONSUMIDORA DE BUTIRATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	↑	Reduzem a disponibilidade de butirato; um excesso compromete a energia colônica e a manutenção da barreira.

»» CONSUMIDORA DE FORMATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Anaerobutyricum hallii</i> , <i>Methanobrevibacter smithii</i> , <i>Anaerostipes hadrus</i>	↔	Reciclam formato evitando a sua acumulação; participam na regulação do H2 intestinal e dos gases associados.



EQUILÍBRIO DO BUTIRATO

Avalia a capacidade do microbioma de produzir butirato, um ácido graxo de cadeia curta essencial para manter a integridade da barreira intestinal, modular a inflamação e fornecer energia aos colonócitos

»» PRODUTORA DE BUTIRATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes shahii</i> , <i>Butyricimonas virosa</i> , [<i>Clostridium</i>] <i>symbiosum</i>	↔	Produzem butirato, principal fonte de energia do colonócito; reforça a barreira intestinal e modula a inflamação local.

»» CONSUMIDORA DE BUTIRATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	↑	Reduzem a disponibilidade de butirato; um excesso compromete a energia colônica e a manutenção da barreira.



PRODUÇÃO DE GASES

Avaliar as vias microbianas relacionadas à produção e ao consumo de gases durante a fermentação intestinal

»» PRODUTORA DE HIDROGÉNIO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Bacteroides nordii</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	↑	Libertam H ₂ durante a fermentação; é normal em quantidades moderadas, mas o excesso causa inchaço e flatulência.

»» PRODUTORA DE SULFURETO DE HIDROGÉNIO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	↑	Produzem H ₂ S, gás genotóxico que danifica o ADN colonocitário e favorece a inflamação quando está elevado.

»» PRODUTORA DE METANO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	↔	Produzem metano consumindo H ₂ ; o excesso associa-se a trânsito intestinal lento e obstipação.



METABOLISMO SACAROLÍTICO

Avalia a capacidade da microbiota de fermentar carboidratos e fibras, gerando metabólitos que influenciam o ambiente intestinal

»» PRODUTORAS DE SUCCINATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Alistipes shahii</i>	↔	Geram succinato, intermediário metabólico; um excesso pode irritar a mucosa se não for consumido a tempo.

»» CONSUMIDORAS DE SUCCINATO

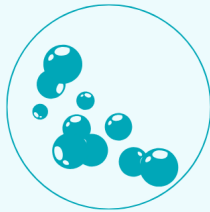
Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	↔	Reciclam succinato em propionato, evitando acumulações que poderiam favorecer desconforto intestinal.

»» PRODUTORA DE LACTATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterocloster asparagiformis</i>	↔	Produzem lactato como substrato para outras bactérias benéficas; em equilíbrio favorece a fermentação sacárida.

»» CONSUMIDORA DE LACTATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Anaerostipes caccae</i>	↔	Evitam a acumulação de lactato e redirecionam-no para AGCC benéficos; fundamental para um metabolismo cruzado eficiente.

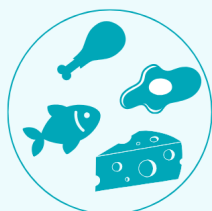


METABOLISMO DAS GORDURAS

Avalia a participação da microbiota na transformação de gorduras e ácidos biliares no ambiente intestinal

» METABOLIZADORA DE ÁCIDOS BILIARES

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , [<i>Clostridium</i>] <i>scindens</i>	↔	Modificam ácidos biliares; um desequilíbrio pode afetar a absorção de gorduras e produzir ácidos biliares secundários pró-inflamatórios.



METABOLISMO DAS PROTEÍNAS

Avalia a capacidade microbiana de metabolizar proteínas e aminoácidos e gerar diferentes produtos de fermentação

»» PROTEOLÍTICAS

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Alistipes shahii</i> , <i>Enterococcus faecium</i>	↑	Fermentam proteínas não digeridas gerando metabolitos tóxicos (amônia, fenóis); um excesso irrita a mucosa.

»» PRODUTORA DE AMÔNIO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	↑	Libertam amônia que irrita a mucosa e sobrecarrega o fígado na sua desintoxicação; o seu excesso é pró-inflamatório.

»» PRODUTORAS DE BCFA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Parabacteroides goldsteini</i> , <i>Bacteroides nordii</i>	↑	Geram ácidos gordos de cadeia ramificada, marcadores de putrefação intestinal e fermentação proteica excessiva.

»» PRODUÇÃO DE P-CRESOL

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	↔	Produzem p-cresol, uma toxina urêmica associada a stress oxidativo e deterioração da função renal.



PROBIÓTICOS

Avalia a presença de microrganismos associados ao equilíbrio da microbiota, à função de barreira e à modulação do ambiente intestinal

»» OUTRAS ESPÉCIES PROBIÓTICAS

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	↔	Probióticos endógenos (<i>Akkermansia</i> , <i>F. prausnitzii</i>); marcadores de um ecossistema intestinal saudável e resiliente.

»» BIFIDOBACTERIUM SPP

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bifidobacterium adolescentis</i> , <i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	↔	Probióticos-chave: produzem lactato e acetato, modulam a imunidade e favorecem a maturação da mucosa intestinal.

»» LACTOBACILLUS SPP

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
Não foram detetadas bactérias associadas	↔	Probióticos lácticos clássicos; reforçam a barreira, inibem patogénicos e modulam a resposta imunitária.



METABOLISMO DOS ESTROGÊNIOS

Avalia o potencial da microbiota para transformar estrogênios e participar de sua circulação e disponibilidade no organismo

»» FORMADORA DO ESTROBOLOMA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides xylanisolvens</i>	↔	Reciclam estrogênios via β -glucuronidase; o seu equilíbrio influencia a saúde hormonal, mamária e endometrial.

»» PRODUTORA DE S-EQUOL

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Ruminococcus</i> sp. SR1/5, <i>Blautia producta</i>	↑	Convertem isoflavonas (soja) em S-equol, fitoestrogênio com efeito protetor cardiovascular e ósseo.

»» CONSUMIDORA DE S-EQUOL

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	↑	Degradam S-equol; um excesso reduz a disponibilidade deste metabolito benéfico.



VITAMINAS

Avalia o potencial da microbiota para participar da síntese, transformação e utilização de certas vitaminas

»» PRODUTORA DE VITAMINA K2

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Blautia hydrogenotrophica</i>	↑	Sintetizam menaquinonas (K2), envolvidas na coagulação, saúde óssea e deposição correta de cálcio.

»» PRODUTORA DE VITAMINA B12

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Collinsella aerofaciens</i>	↔	Produzem vitamina B12, fundamental para a função nervosa e hematopoiese; o aporte intestinal complementa o dietético.

»» PRODUTORA DE VITAMINA B9

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bifidobacterium adolescentis</i> , <i>Streptococcus thermophilus</i>	↔	Sintetizam folato (B9), essencial para metilação, síntese de ADN e maturação eritrocitária.



NEUROTRANSMISSORES

Avalia a capacidade funcional da microbiota de produzir, consumir e modular neurotransmissores e outros compostos neuroativos envolvidos na comunicação entre o intestino e o sistema nervoso

»» PRODUTORA DE GABA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes indistinctus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	↔	Sintetizam GABA, neurotransmissor inibidor que modula o eixo intestino-cérebro e favorece a regulação do stress.

»» PRODUTORA DE GLUTAMATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	↔	Libertam glutamato livre, neurotransmissor excitador e precursor de GABA; o seu equilíbrio é fundamental no eixo intestino-cérebro.

»» REGULAÇÃO DA SEROTONINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterococcus faecalis</i>	↔	Modulam a produção intestinal de serotonina (90 % do total corporal); influenciam o humor e a motilidade.

»» PRODUTORA DE DOPAMINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Hafnia paralvei</i>	↔	Produzem dopamina periférica que participa no eixo intestino-cérebro e na regulação do estado de espírito.

»» PRODUTORA DE ACETILCOLINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Streptococcus thermophilus</i> , <i>Streptococcus salivarius</i>	↔	Sintetizam acetilcolina, neurotransmissor envolvido na motilidade intestinal e na modulação inflamatória via nervo vago.

»» CONSUMIDORA DE GABA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
Não foram detetadas bactérias associadas	↔	Degradam GABA local; a sua sobre-representação reduz a disponibilidade deste neurotransmissor calmante.



EIXO INTESTINO-CÉREBRO

Analisa as funções microbianas relacionadas à comunicação bidirecional entre o intestino e o cérebro, envolvidas na regulação do humor, da resposta ao estresse e da função cognitiva

»» PRODUTORA DE INDOL

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Alistipes shahii</i>	↔	Produzem indol e derivados ligandos do recetor AhR; reforçam a barreira intestinal e a imunidade das mucosas.

»» PRODUTORA DE QUINOLINATO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>[Clostridium] symbiosum</i> , <i>[Clostridium] scindens</i> , <i>Ruminococcus albus</i>	↔	Produzem quinolinato via quinurenina; em excesso pode ter efeito excitotóxico sobre o sistema nervoso.

»» PRODUTORA DE IPA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>[Clostridium] symbiosum</i> , <i>[Clostridium] scindens</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	↔	Sintetizam ácido indol-3-propiónico, antioxidante e neuroprotetor que atravessa a barreira hematoencefálica.

»» PRODUTORAS DE PROPIONATO DE IMIDAZOL

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i> , <i>Eggerthella lenta</i>	↔	Produzem imidazol-propionato (ImP) a partir de histidina; ImP elevado associa-se a resistência à insulina e diabetes tipo 2.

»» REGULADORAS DA SÍNTESE DE QUINURENINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
Não foram detetadas bactérias associadas	↔	Regulam o equilíbrio quinurenina/triptofano, fundamental para o balanço entre serotonina e vias inflamatórias.



EIXO INTESTINO-PELE

Analisa as funções microbianas que podem influenciar o eixo intestino-pele, participando de processos relacionados à inflamação sistêmica, à resposta imune e à manutenção da saúde da pele

»» PROTETORA DA PELE

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Paraprevotella clara</i>	↔	A sua presença fortalece o eixo intestino-pele; associa-se a melhor hidratação cutânea e menor inflamação dermatológica.

»» DISRUPTORA DA PELE

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Enterococcus faecalis</i>	↔	A sua sobreabundância tem sido associada a surtos de acne, dermatite atópica e outras alterações cutâneas inflamatórias.



EIXO INTESTINO-CORAÇÃO

Analisa as funções microbianas relacionadas à produção de metabólitos que podem influenciar a saúde cardiovascular, o metabolismo lipídico e a função vascular

»» PRODUTORA DE TRIMETILAMINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Paraprevotella clara</i>	↔	Produzem TMA a partir de colina/carnitina; o fígado converte-o em TMAO, marcador de risco cardiovascular.

»» CONSUMIDORA DE TRIMETILAMINA

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	↔	Reduzem a carga de TMA antes de chegar ao fígado; protegem o perfil cardiovascular.



EIXO INTESTINO-FÍGADO

Avalia as funções do microbioma envolvidas no metabolismo dos ácidos biliares, na desintoxicação e na comunicação funcional entre o intestino e o fígado

»» PRODUTORA DE ETANOL

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>[Clostridium] scindens</i>	↔	Geram endoetanol que sobrecarrega o fígado; o seu excesso associa-se a fígado gordo não alcoólico (NAFLD).



INTOLERÂNCIAS

Analisa as funções microbianas relacionadas à degradação e ao metabolismo de diferentes compostos alimentares, cuja alteração pode favorecer processos de intolerância ou uma menor tolerância digestiva

»» METABOLIZADORAS DA LACTOSE

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bifidobacterium adolescentis</i>	↔	Hidrolisam lactose intestinal; uma boa representação indica boa tolerância digestiva a produtos lácteos.

»» SENSIBILIDADE AO TRIGO

Top bactérias desequilibradas	Estado	Impacto funcional
<i>Eubacterium ramulus</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Rothia mucilaginosa</i>	↔	A sua presença associa-se a melhor digestão do glúten e menor sintomatologia em indivíduos sensíveis não celíacos (NCGS).

5. RECOMENDAÇÕES GERAIS

As seguintes **recomendações foram elaboradas a partir dos domínios funcionais que apresentam alterações** na amostra analisada. O seu objetivo é favorecer o restabelecimento do equilíbrio do microbioma intestinal através de intervenções nutricionais, hábitos de vida e estratégias de suporte.

NOTA: As recomendações propostas constituem sugestões baseadas no perfil microbiológico observado e devem ser individualizadas consoante a situação clínica, a evolução do doente e o critério do profissional de saúde.



DIVERSIDADE GLOBAL

Antes de aumentar a ingestão de fibra, é conveniente avaliar a composição da microbiota, a presença de gases, o padrão do trânsito intestinal e a sintomatologia digestiva. Além disso, aconselha-se evitar um consumo excessivo de polióis ou prebióticos concentrados e considerar a avaliação de um possível sobrecrecimento bacteriano apenas quando a clínica o justifique, evitando qualquer tratamento baseado exclusivamente numa diversidade elevada.



HOMEOSTASE INTESTINAL

Bactérias bucais



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Frutas e legumes ricos em polifenóis, frutos vermelhos, romã, chá verde, cacau puro, azeite virgem extra, peixe azul e alimentos ricos em vitamina C e zinco e favorecer uma mastigação adequada.



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: Pectina, PHGG, beta-glucanos e polifenóis e ajustar a fibra ao trânsito e à tolerância.



Probióticos

Avaliar *Streptococcus salivarius* ou *Lactobacillus reuteri*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Avaliar probióticos orais com *Streptococcus salivarius* ou *Lactobacillus reuteri*, e probióticos intestinais consoante o perfil e zinco e vitamina D apenas se existir défice.



MUCO INTESTINAL

Consumidora de muco



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Legumes cozinhados, mucilagens: chia/linhaça hidratadas, quiabo, aveia, abóbora, cenoura, peixe azul, azeite e frutos vermelhos



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, fibra de acácia, beta-glucanos e mucilagens



Probióticos

Avaliar *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactiplantibacillus plantarum*, *Bifidobacterium longum* ou *Akkermansia muciniphila*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Zinco-carnosina, L-glutamina, vitamina A/D se défice e ómega-3



PERMEABILIDADE INTESTINAL

Aconselha-se reforçar a função de barreira intestinal através de um aumento progressivo de fibra solúvel e amido resistente, acompanhado de legumes, frutas, leguminosas bem toleradas, azeite e fontes dietéticas de ómega-3. Além disso, é recomendável eliminar o consumo de álcool e alimentos ultraprocessados, rever com o médico o uso de AINE, inibidores da bomba de prótons e a presença de obstipação, e considerar suplementos como zinco, vitamina D ou L-glutamina apenas quando exista uma indicação clínica, evitando a suplementação sistemática com butirato.



EIXO DE INFLAMAÇÃO INTESTINAL E SISTEMA IMUNITÁRIO

Produtora de lipopolissacáridos (LPS)



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Aumentar legumes, aveia, leguminosas toleradas, maçã, pera, frutos vermelhos, romã, cacau puro, azeite virgem extra e peixe azul e reduzir ultraprocessados, álcool, açúcares livres e excesso de gorduras saturadas.



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos e fibra de acácia, polifenóis e amido resistente de forma gradual.



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactiplantibacillus plantarum*., selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Avaliar ómega-3, vitamina D se existir défice, zinco-carnosina, L-glutamina e probióticos com *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactobacillus plantarum*.

Pró-inflamatória



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Dieta mediterrânica anti-inflamatória: legumes cozinhados e crus conforme a tolerância, frutos vermelhos, romã, azeite virgem extra, peixe azul, nozes, linhaça e chia e reduzir ultraprocessados, álcool, açúcares livres e gorduras trans.



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina e beta-glucanos, polifenóis prebióticos e GOS ou inulina/FOS apenas se não aumentarem os gases ou a dor.



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactiplantibacillus plantarum*., selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Avaliar ómega-3, vitamina D se existir défice, curcumina, zinco-carnosina e probióticos com *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactobacillus plantarum*.



INFEÇÃO

Patogénicos



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Dieta mediterrânica simples e bem tolerada, legumes cozinhados, arroz, batata ou batata-doce, fruta inteira, azeite virgem extra, peixe e proteínas magras e reduzir açúcares livres, álcool, ultraprocessados e alimentos de risco higiénico.



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG ou pectina como primeira opção se existir tolerância, beta-glucanos e fibra de acácia. Evitar iniciar inulina/FOS se houver diarreia intensa, distensão marcada ou suspeita de sobrecrecimento.



Probióticos

Avaliar *Saccharomyces boulardii*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactiplantibacillus plantarum* ou *Bifidobacterium lactis*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Avaliar *Saccharomyces boulardii*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactobacillus plantarum* ou *Bifidobacterium lactis* consoante o microrganismo, os sintomas e a situação clínica e zinco-carnosina, vitamina D se existir défice e ómega-3. Não substitui o tratamento médico quando indicado.



AMINAS BIOGÉNICAS

Produtora de histamina



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Alimentos frescos: arroz, batata, frango/peru fresco, peixe muito fresco/congelado, courgette, cenoura, pepino, maçã, pera, mirtilos, azeite



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, fibra de acácia e evitar fermentados/prebióticos agressivos no início



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactiplantibacillus plantarum*., selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: DAO se aplicável, vitamina C, quercetina, B6, probióticos não histaminogénicos e ómega-3

Produtora de cadaverina



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Dieta mediterrânea anti-inflamatória, legumes cozinhados, frutas com baixa carga fermentativa conforme a tolerância, azeite virgem extra, peixe azul, ovos se tolerados, proteínas magras moderadas, tubérculos, arroz, quinoa, polifenóis: frutos vermelhos, romã, cacau puro, chá verde, ervas aromáticas, caldos suaves e sementes moídas se toleradas



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acácia, amido resistente com cautela, GOS/inulina apenas se não houver gases/SIBO, polifenóis, mucilagens e introdução do prebiótico sempre gradual



Probióticos

Avaliar *Saccharomyces boulardii*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Ómega-3, polifenóis, curcumina, zinco-carnosina, L-glutamina, *saccharomyces boulardii* se aplicável, probióticos moduladores não histaminogénicos, suporte digestivo individualizado e evitar megadoses

Produtora de putrescina



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Dieta mediterrânea anti-inflamatória, legumes cozinhados, frutas com baixa carga fermentativa conforme a tolerância, azeite virgem extra, peixe azul, ovos se tolerados, proteínas magras moderadas, tubérculos, arroz, quinoa, polifenóis: frutos vermelhos, romã, cacau puro, chá verde, ervas aromáticas, caldos suaves e sementes moídas se toleradas



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acácia, amido resistente com cautela, GOS/inulina apenas se não houver gases/SIBO, polifenóis, mucilagens e introdução do prebiótico sempre gradual



Probióticos

Avaliar *Saccharomyces boulardii*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Ómega-3, polifenóis, curcumina, zinco-carnosina, L-glutamina, *saccharomyces boulardii* se aplicável, probióticos moduladores não histaminogénicos, suporte digestivo individualizado e evitar megadoses



AGCC BENÉFICOS

Produtora de formato



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Dieta mediterrânea personalizada, legumes cozinhados, fibra solúvel, polifenóis, proteína moderada, hidrato de carbono complexo tolerado e azeite



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acácia e escolher consoante a tolerância



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Probióticos/suplementos apenas consoante o eixo, ômega-3 e polifenóis

Consumidora de butirato



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Priorizar alimentos que favoreçam uma produção sustentada e equilibrada de butirato: aveia, leguminosas toleradas, tubérculos ou arroz arrefecidos, legumes variados, frutos vermelhos, azeite virgem extra e frutos secos.



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos e amido resistente em introdução progressiva e ajustar consoante os gases e o trânsito.



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactobacillus plantarum* para melhorar o equilíbrio fermentativo e ômega-3, vitamina D se existir défice e suporte da mucosa quando clinicamente indicado.



EQUILÍBRIO DO BUTIRATO

Consumidora de butirato



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Priorizar alimentos que favoreçam uma produção sustentada e equilibrada de butirato: aveia, leguminosas toleradas, tubérculos ou arroz arrefecidos, legumes variados, frutos vermelhos, azeite virgem extra e frutos secos.



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos e amido resistente em introdução progressiva e ajustar consoante os gases e o trânsito.



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* ou *Lactobacillus plantarum* para melhorar o equilíbrio fermentativo e ómega-3, vitamina D se existir défice e suporte da mucosa quando clinicamente indicado.



PRODUÇÃO DE GASES

Produtora de hidrogénio



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Dieta mediterrânica personalizada, legumes cozinhados, fibra solúvel, polifenóis, proteína moderada, hidrato de carbono complexo tolerado e azeite



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acácia e escolher consoante a tolerância



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Probióticos/suplementos apenas consoante o eixo, ómega-3 e polifenóis

Produtora de sulfureto de hidrogénio



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Arroz, batata, abóbora, cenoura, pepino, courgette, azeite, frutos vermelhos, romã e proteínas moderadas e distribuídas ao longo do dia



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos e fibra suave



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Molibdénio sob critério clínico, zinco-carnosina, ómega-3 e carvão/adsorventes apenas sob supervisão



METABOLISMO DAS PROTEÍNAS

Proteolíticas



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Legumes cozinhados, hidrato de carbono complexo tolerado, arroz/batata, aveia, frutas cozinhadas, azeite, leguminosas em pequenas doses se toleradas e peixe em porções moderadas



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, amido resistente suave e beta-glucanos



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: polifenóis, ómega-3 e enzimas digestivas se má digestão proteica

Produtora de amónio



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Hidrato de carbono complexo tolerado, legumes cozinhados, frutas, fibra solúvel, azeite e proteína moderada



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos e amido resistente suave



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Ornitina/aspartato apenas sob critério médico, zinco e polifenóis

Produtoras de BCFA



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Legumes cozinhados, tubérculos, arroz, aveia, fruta cozinhada, azeite e proteína mais vegetal ou peixe moderado



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina e amido resistente suave



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: polifenóis, ómega-3 e suporte digestivo



METABOLISMO DOS ESTROGÊNIOS

Produtora de S-EQUOL



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Soja fermentada/não fermentada conforme a tolerância: tempeh, tofu, edamame, leguminosas, linhaça, sésamo, fibra, legumes e frutas polifenólicas



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: GOS, inulina se tolerada, PHGG, pectina e polifenóis



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* ou *Lactiplantibacillus plantarum*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Isoflavonas apenas sob critério clínico e ômega-3

Consumidora de S-EQUOL



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Dieta mediterrânea anti-inflamatória, legumes cozinhados, frutas com baixa carga fermentativa conforme a tolerância, azeite virgem extra, peixe azul, ovos se tolerados, proteínas magras moderadas, tubérculos, arroz, quinoa, polifenóis: frutos vermelhos, romã, cacau puro, chá verde, ervas aromáticas, caldos suaves e sementes moídas se toleradas



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acácia, amido resistente com cautela, GOS/inulina apenas se não houver gases/SIBO, polifenóis, mucilagens e introdução do prebiótico sempre gradual



Probióticos

Avaliar *Saccharomyces boulardii*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Ômega-3, polifenóis, curcumina, zinco-carnosina, L-glutamina, *saccharomyces boulardii* se aplicável, probióticos moduladores não histaminogénicos, suporte digestivo individualizado e evitar megadoses



VITAMINAS

Produtora de vitamina K2



Alimentos

Priorizar de forma ativa: Aveia, cevada, arroz/batata arrefecidos, banana verde, leguminosas conforme a tolerância, alcachofra, espargo, alho-francês, cebola, alho suave, cenoura cozida, abóbora, maçã/pera cozida, frutos vermelhos, romã, citrinos, cacau puro, azeite virgem extra, nozes, amêndoas, sementes de linhaça/chia, iogurte/kefir se tolerado e legumes variados da época



Prebióticos

Intervenção prioritária e progressiva: Inulina/FOS se tolerada, GOS, amido resistente, PHGG, pectina, beta-glucanos, arabinoxilanos, fibra de acácia, polifenóis prebióticos, lactoferrina no eixo *Lactobacillus* e ácido clorogénico quando aplicável



Probióticos

Avaliar *Bifidobacterium longum* ou *Bifidobacterium animalis subsp. lactis*, selecionando as espécies consoante os sintomas, o eixo alterado e o objetivo clínico.



Suplementos

Avaliar de forma individualizada: Probióticos dirigidos consoante o eixo: *Bifidobacterium/Lactobacillus*, ómega-3, vitamina D se déficit, zinco-carnosina, L-glutamina, magnésio, polifenóis, mucilagens e multiestirpe apenas se tolerado

ANEXO I: MICRORGANISMOS DETETADOS

Neste anexo apresenta-se a lista de **bactérias, arqueias e eucariotas** detetadas e incluídas na análise geral do microbioma intestinal. Esta lista não inclui os microrganismos avaliados através de painéis específicos de vírus, fungos, leveduras e parasitas, cujos resultados são apresentados de forma independente.

Microorganismo	Domínio	Ref. mín. (%)	Ref. máx. (%)	Abundância (%)
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	Bactéria	0.000	15.430	20.952
<i>Bacteroides salyersiae</i>	Bactéria	0.000	0.315	6.047
<i>Alistipes putredinis</i>	Bactéria	0.000	8.339	5.059
<i>Bacteroides ovatus</i>	Bactéria	0.000	2.012	4.097
<i>Bacteroides stercoris</i>	Bactéria	0.000	4.875	4.086
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	Bactéria	0.000	1.132	3.458
<i>Akkermansia muciniphila</i>	Bactéria	0.000	4.192	3.070
<i>Bacteroides uniformis</i>	Bactéria	0.011	14.355	3.042
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	Bactéria	0.000	0.613	2.829
<i>Alistipes shahii</i>	Bactéria	0.000	0.643	2.728
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	Bactéria	0.959	12.099	2.575
<i>Bilophila wadsworthia</i>	Bactéria	0.000	0.139	2.070
<i>Bacteroides caccae</i>	Bactéria	0.000	2.288	1.940
<i>Segatella copri</i>	Bactéria	0.000	35.000	1.913
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	Bactéria	0.000	1.014	1.761
<i>[Ruminococcus] lactaris</i>	Bactéria	0.000	1.243	1.731
<i>Parabacteroides distasonis</i>	Bactéria	0.000	2.902	1.688
<i>Phocaeicola dorei</i>	Bactéria	0.000	7.980	1.670
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	Bactéria	0.000	1.933	1.646
<i>Alistipes finegoldii</i>	Bactéria	0.000	1.732	1.530
<i>Parabacteroides merdae</i>	Bactéria	0.000	2.217	1.224
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	Bactéria	0.000	0.472	1.161
<i>Simiaoa sunii</i>	Bactéria	-	-	1.023
<i>uncultured Alistipes sp.</i>	Bactéria	-	-	0.994
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	Bactéria	0.100	8.000	0.945
<i>Alistipes communis</i>	Bactéria	0.500	12.000	0.903
<i>Escherichia coli</i>	Bactéria	0.000	1.743	0.826
<i>Alistipes onderdonkii</i>	Bactéria	0.000	0.010	0.755
<i>[Ruminococcus] torques</i>	Bactéria	0.000	2.632	0.712
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	Bactéria	0.050	3.500	0.691
<i>Butyricimonas virosa</i>	Bactéria	0.000	0.210	0.690
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	Bactéria	0.000	0.043	0.621
<i>Blautia obeum</i>	Bactéria	0.000	1.685	0.620
<i>Bacteroides fragilis</i>	Bactéria	0.000	1.152	0.554
<i>Alistipes dispar</i>	Bactéria	0.500	12.000	0.521
<i>Vescimonas coprocola</i>	Bactéria	-	-	0.440
<i>Alistipes indistinctus</i>	Bactéria	0.000	0.201	0.434
<i>Dorea longicatena</i>	Bactéria	0.000	3.152	0.424
<i>Dysosmobacter welbionis</i>	Bactéria	-	-	0.370
<i>Blautia wexlerae</i>	Bactéria	0.001	1.180	0.370

<i>Lachnospira eligens</i>	Bactéria	0.000	3.814	0.327
<i>Collinsella aerofaciens</i>	Bactéria	0.000	6.241	0.325
<i>Parabacteroides goldsteinii</i>	Bactéria	0.000	0.085	0.293
<i>Eubacterium ramulus</i>	Bactéria	0.000	0.360	0.277
<i>Barnesiella intestinihominis</i>	Bactéria	0.000	2.650	0.255
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	Bactéria	-	-	0.250
<i>Eubacterium ventriosum</i>	Bactéria	0.000	0.410	0.246
<i>Alloprococcus comes</i>	Bactéria	-	-	0.245
<i>Vescimonas fastidiosa</i>	Bactéria	-	-	0.244
<i>Flavonifractor plautii</i>	Bactéria	0.000	0.504	0.204
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.203
<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	Bactéria	1.000	18.000	0.186
<i>Alistipes senegalensis</i>	Bactéria	0.500	12.000	0.186
<i>Faecalibacterium</i> sp. 14-1-79	Bactéria	1.000	18.000	0.182
<i>Bacteroides nordii</i>	Bactéria	0.000	0.005	0.182
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	Bactéria	0.000	0.067	0.177
<i>Faecalibacillus intestinalis</i>	Bactéria	-	-	0.177
<i>Butyricimonas faecihominis</i>	Bactéria	-	-	0.176
<i>Bacteroides zhangwenhongii</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.175
<i>Bacteroides</i> sp. M10	Bactéria	8.000	45.000	0.173
<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	Bactéria	0.000	0.439	0.172
<i>Mediterraneibacter faecis</i>	Bactéria	0.050	3.500	0.169
<i>Alistipes</i> sp. dk3624	Bactéria	0.500	12.000	0.164
<i>Clostridioides difficile</i>	Bactéria	0.000	0.500	0.156
<i>Dorea formicigenerans</i>	Bactéria	0.000	1.006	0.151
<i>Hominenteromicrobium mulieris</i>	Bactéria	-	-	0.127
<i>[Clostridium]</i> symbiosum	Bactéria	0.000	0.022	0.125
<i>Faecalibacterium</i> sp. PGM34	Bactéria	1.000	18.000	0.125
<i>Pusillibacter faecalis</i>	Bactéria	-	-	0.123
<i>Faecalibacterium</i> sp. 13-3-33	Bactéria	1.000	18.000	0.122
<i>Lawsonibacter asaccharolyticus</i>	Bactéria	0.000	0.155	0.118
<i>Bacteroides finegoldii</i>	Bactéria	0.000	0.353	0.117
<i>Bacteroides difficilis</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.115
<i>Barnesiella</i> sp. An22	Bactéria	-	-	0.114
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	Bactéria	0.000	0.460	0.105
<i>Phocaeicola salanitronis</i>	Bactéria	1.000	25.000	0.105
<i>Agathobacter rectalis</i>	Bactéria	0.500	10.000	0.103
<i>Thomasclavelia spiroformis</i>	Bactéria	-	-	0.099
<i>Roseburia intestinalis</i>	Bactéria	0.000	2.023	0.095
<i>Alistipes ihumii</i>	Bactéria	0.500	12.000	0.094
<i>Bacteroides eggerthii</i>	Bactéria	0.000	1.356	0.093
<i>Bacteroides</i> sp. D2	Bactéria	0.000	0.000	0.088
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	Bactéria	0.000	2.631	0.088
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	Bactéria	0.000	1.205	0.085
<i>Alistipes</i> sp. i18-0019-D1	Bactéria	0.500	12.000	0.085
<i>Anaerotruncus colihominis</i>	Bactéria	0.000	0.019	0.079
<i>[Clostridium]</i> innocuum	Bactéria	0.000	0.034	0.076
<i>Owariibacterium komagatae</i>	Bactéria	-	-	0.073

<i>Bacteroides hominis</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.073
<i>Enterococcus faecium</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.072
<i>Butyrivibrio parviroso</i>	Bactéria	-	-	0.072
<i>Paraprevotella clara</i>	Bactéria	0.000	0.012	0.071
<i>Eggerthella lenta</i>	Bactéria	0.000	0.169	0.070
<i>Faecalibacterium</i> sp. IP-3-29	Bactéria	1.000	18.000	0.070
<i>Pseudoprevotella muciniphila</i>	Bactéria	-	-	0.068
<i>Roseburia hominis</i>	Bactéria	0.000	0.994	0.068
<i>Bacteroides celer</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.068
<i>Faecalibacterium</i> sp. IP-1-18	Bactéria	1.000	18.000	0.067
<i>Blautia massiliensis</i> (ex Durand et al. 2017)	Bactéria	1.000	12.000	0.066
<i>Faecalibacterium</i> sp. I2-3-92	Bactéria	1.000	18.000	0.065
<i>Bacteroides</i> sp. CACC 737	Bactéria	8.000	45.000	0.065
<i>Coprobacter secundus</i>	Bactéria	0.000	0.036	0.063
<i>Bacteroides faecis</i>	Bactéria	0.000	0.393	0.061
<i>Faecalibacterium</i> sp. I3-3-89	Bactéria	1.000	18.000	0.060
<i>Jutongia</i> sp. SJQ-6	Bactéria	-	-	0.059
<i>Bacteroides</i> sp. A1C1	Bactéria	8.000	45.000	0.059
<i>Dysosmobacter</i> sp. Phy	Bactéria	-	-	0.057
<i>Parabacteroides</i> sp. CT06	Bactéria	0.500	8.000	0.057
<i>Bacteroides luhongzhouii</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.055
<i>Ruminococcus</i> sp. SR1/5	Bactéria	0.100	8.000	0.054
<i>Dorea amylophila</i>	Bactéria	0.100	4.000	0.053
<i>Faecalibacterium</i> sp. i21-0019-B1	Bactéria	1.000	18.000	0.049
<i>Bacteroides</i> sp. DH3716P	Bactéria	8.000	45.000	0.047
<i>Blautia</i> sp. SC05B48	Bactéria	1.000	12.000	0.047
<i>Bacteroides parvus</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.046
<i>Roseburia faecis</i>	Bactéria	0.000	6.476	0.044
<i>Bacteroides faecium</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.044
<i>Faecalibacterium hominis</i> (ex Afrizal et al. 2022)	Bactéria	1.000	18.000	0.043
<i>[Clostridium]</i> scindens	Bactéria	0.000	0.000	0.043
<i>Enterocloster lavalensis</i>	Bactéria	0.000	0.008	0.042
<i>Faecalibacterium</i> sp. I4-3-84	Bactéria	1.000	18.000	0.042
<i>Blautia luti</i>	Bactéria	1.000	12.000	0.042
<i>Oxalobacter aliiformigenes</i>	Bactéria	-	-	0.041
<i>Clostridium</i> sp. M62/1	Bactéria	0.000	1.000	0.041
<i>Bacteroides caecimuris</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.040
<i>Coprobacter fastidiosus</i>	Bactéria	0.000	0.215	0.040
<i>Oscillibacter hominis</i>	Bactéria	-	-	0.040
<i>Bacteroides intestinalis</i>	Bactéria	0.000	0.338	0.038
<i>Pseudoflavonifractor gallinarum</i>	Bactéria	-	-	0.037
<i>Barnesiella viscericola</i>	Bactéria	-	-	0.036
<i>Bacteroides</i> sp. HF-162	Bactéria	8.000	45.000	0.036
<i>Enterocloster boltea</i>	Bactéria	0.000	0.043	0.034
<i>Subdoligranulum variabile</i>	Bactéria	0.050	3.000	0.034
<i>Emergencia timonensis</i>	Bactéria	-	-	0.033
<i>Muribaculum intestinale</i>	Bactéria	-	-	0.033
<i>Faecalibacterium taiwanense</i>	Bactéria	1.000	18.000	0.032

<i>Butyricimonas faecalis</i>	Bactéria	-	-	0.029
<i>Eisenbergiella porci</i>	Bactéria	-	-	0.029
<i>Faecalibacterium</i> sp. 7	Bactéria	1.000	18.000	0.027
<i>Enterocloster clostridioformis</i>	Bactéria	0.000	0.005	0.027
<i>Sellimonas catena</i>	Bactéria	-	-	0.026
<i>Adlercreutzia hattorii</i>	Bactéria	0.000	1.500	0.024
<i>Holdemanian massiliensis</i>	Bactéria	-	-	0.024
<i>Gordonibacter urolithinfaciens</i>	Bactéria	-	-	0.024
<i>Faecalibacterium</i> sp. i25-0019-C1	Bactéria	1.000	18.000	0.023
<i>Collinsella</i> sp. i05-0019-G5	Bactéria	0.000	5.000	0.023
<i>Anaerostipes hadrus</i>	Bactéria	0.002	3.908	0.022
<i>Blautia producta</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.021
<i>Faecalibacterium wellingii</i>	Bactéria	1.000	18.000	0.020
<i>Hungatella hathewayi</i>	Bactéria	0.000	0.012	0.020
<i>uncultured Subdoligranulum</i> sp.	Bactéria	-	-	0.020
<i>Parabacteroides absconsus</i>	Bactéria	0.500	8.000	0.020
<i>Ruminococcus callidus</i>	Bactéria	0.000	0.034	0.019
<i>Flintibacter</i> sp. KGMB00164	Bactéria	-	-	0.019
<i>Bacteroides mucinivorans</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.017
<i>Parabacteroides</i> sp. ASD2025	Bactéria	0.500	8.000	0.017
<i>Oscillibacter</i> sp. PEA192	Bactéria	-	-	0.017
<i>Eshraghiella crossota</i>	Bactéria	-	-	0.017
<i>Christensenella massiliensis</i>	Bactéria	-	-	0.017
<i>Bacteroides pyogenes</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.016
<i>Hungatella</i> sp. SB206	Bactéria	-	-	0.016
<i>Enterocloster asparagiformis</i>	Bactéria	0.000	0.004	0.016
<i>Muribaculum gordoncarteri</i>	Bactéria	-	-	0.015
<i>Blautia hansenii</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.015
<i>Phocaeicola coprophilus</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.015
<i>Paramuribaculum intestinale</i>	Bactéria	-	-	0.015
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	Bactéria	0.000	0.004	0.015
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	Bactéria	0.100	8.000	0.014
<i>Segatella hominis</i>	Bactéria	0.000	35.000	0.013
<i>Desulfovibrio piger</i>	Bactéria	0.000	0.327	0.013
<i>Hoskinsella hominis</i>	Bactéria	-	-	0.012
<i>Wansuia hejianensis</i>	Bactéria	-	-	0.011
<i>Solibaculum mannosilyticum</i>	Bactéria	-	-	0.011
<i>Coprococcus</i> sp. ART55/1	Bactéria	0.100	5.000	0.011
<i>Roseburia rectibacter</i>	Bactéria	0.500	10.000	0.010
<i>Marvinbryantia formatexigens</i>	Bactéria	-	-	0.010
<i>Bacteroides helcogenes</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.010
<i>Blautia argi</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.010
<i>Sellimonas intestinalis</i>	Bactéria	0.000	0.011	0.009
<i>Acutalibacter muris</i>	Bactéria	-	-	0.009
<i>Catenibacterium</i> sp. co_0103	Bactéria	-	-	0.009
<i>Eubacterium callanderi</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.009
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	Bactéria	0.050	3.000	0.008
<i>Bacteroides zoogloformans</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.008

<i>Clostridium cadaveris</i>	Bactéria	0.000	1.000	0.008
<i>Eubacterium maltosivorans</i>	Bactéria	0.100	5.000	0.008
<i>Sodaphilus pleomorphus</i>	Bactéria	-	-	0.008
<i>Parabacteroides chongii</i>	Bactéria	0.500	8.000	0.007
<i>Duncaniella dubosii</i>	Bactéria	-	-	0.007
<i>Butyricoccus porcorum</i>	Bactéria	-	-	0.007
<i>Clostridium</i> sp. BJN0013	Bactéria	0.000	1.000	0.007
<i>Qiana dongpingensis</i>	Bactéria	-	-	0.007
<i>Roseburia</i> sp. 831b	Bactéria	0.500	10.000	0.007
<i>Parabacteroides faecis</i>	Bactéria	0.500	8.000	0.006
<i>Clostridium perfringens</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.006
<i>Agathobaculum massiliense</i>	Bactéria	-	-	0.006
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	Bactéria	0.000	1.000	0.006
<i>Coprococcus eutactus</i>	Bactéria	0.000	3.036	0.006
<i>Bacteroides maternus</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.006
<i>Kineothrix sedimenti</i>	Bactéria	-	-	0.006
<i>Romboutsia ilealis</i>	Bactéria	0.000	0.011	0.006
<i>Schaalia odontolytica</i>	Bactéria	0.000	0.008	0.006
<i>Thomasclavelia ramosa</i>	Bactéria	-	-	0.006
<i>Actinomyces</i> sp. oral taxon 414	Bactéria	-	-	0.005
<i>Sporosarcina</i> sp. P37	Bactéria	-	-	0.005
<i>Claveliimonas bilis</i>	Bactéria	-	-	0.005
<i>Gordonibacter pamelaee</i>	Bactéria	0.000	0.161	0.005
<i>Amedibacterium intestinale</i>	Bactéria	-	-	0.005
<i>Acidaminobacterium chupaoyuni</i>	Bactéria	-	-	0.005
<i>Lactonifactor longoviformis</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.005
<i>Spiroplasma endosymbiont of Crioceris asparagi</i>	Bactéria	-	-	0.005
<i>Christensenella minuta</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.005
<i>Faecalibaculum rodentium</i>	Bactéria	-	-	0.005
<i>Caproiciproducens</i> sp. LBM24188	Bactéria	-	-	0.005
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.005
<i>Clostridium</i> sp. OSI-26	Bactéria	0.000	1.000	0.005
<i>Eubacterium</i> sp. MSJ-33	Bactéria	0.100	5.000	0.005
<i>Mesoplasma florum</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Massilimicrobiota timonensis</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.004
<i>Clostridium</i> sp. MB40-C1	Bactéria	0.000	1.000	0.004
<i>Christensenella</i> sp. MSJ-20	Bactéria	-	-	0.004
<i>Pediococcus claussenii</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Streptococcus sanguinis</i>	Bactéria	0.000	0.001	0.004
<i>Bacteroides sedimenti</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.004
<i>Sporanaerobacter</i> sp.	Bactéria	-	-	0.004
<i>Neoehrlichia mikurensis</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Mitsuokella multacida</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.004
<i>Companilactobacillus</i> sp. DQM5	Bactéria	-	-	0.004
<i>Chordicoccus furentiruminis</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Faecalimonas umbilicata</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Blautia pseudococcoides</i>	Bactéria	1.000	12.000	0.004
<i>Brevibacterium luteolum</i>	Bactéria	-	-	0.004

<i>Floricoccus penangensis</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Agathobaculum</i> sp. NTUH-O15-33	Bactéria	-	-	0.004
<i>Sporosarcina</i> sp. FSL K6-1522	Bactéria	-	-	0.004
<i>Roseburia</i> sp. 499	Bactéria	0.500	10.000	0.004
<i>Spiroplasma</i> endosymbiont of <i>Virgichneumon dumeticola</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Gemella</i> sp. zg-570	Bactéria	-	-	0.004
<i>Streptococcus pyogenes</i>	Bactéria	0.050	3.000	0.004
<i>Vagococcus jeotgali</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Parabacteroides</i> sp. APC149_T1_2_Y6	Bactéria	0.500	8.000	0.004
<i>Clostridium</i> sp. SY8519	Bactéria	0.000	1.000	0.004
<i>Rummeliibacillus stabekisii</i>	Bactéria	-	-	0.004
<i>Paraglaciecola psychrophila</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Shewanella benthica</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Romboutsia hominis</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Geosporobacter ferrireducens</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Caproiciproducens puteiluti</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Intestinibacter bartlettii</i>	Bactéria	0.000	0.255	0.003
<i>Mediterraneibacter glycyrrhizinilyticus</i>	Bactéria	0.050	3.500	0.003
<i>Streptococcus canis</i>	Bactéria	0.050	3.000	0.003
<i>Desulfosporosinus youngiae</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Bifidobacterium longum</i>	Bactéria	0.000	4.324	0.003
<i>Erysipelatoclostridium</i> sp. An173	Bactéria	-	-	0.003
<i>Flavobacterium</i> sp. N3904	Bactéria	-	-	0.003
uncultured <i>Bacteroides</i> sp.	Bactéria	-	-	0.003
<i>Paenibacillus</i> sp. FSL R10-2734	Bactéria	-	-	0.003
<i>Streptobacillus moniliformis</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Clostridium</i> sp. HCS.1	Bactéria	0.000	1.000	0.003
<i>Eubacterium limosum</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.003
<i>Sellimonas caecigallum</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Hominifimenecus</i> sp. rT4P-3	Bactéria	-	-	0.003
<i>Bacillus</i> sp. AK128	Bactéria	-	-	0.003
<i>Tannerella serpentiformis</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Bengtsoniella intestinalis</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Ruminococcus albus</i>	Bactéria	0.100	8.000	0.003
<i>Blautia parvula</i>	Bactéria	1.000	12.000	0.003
<i>Streptococcus urinalis</i>	Bactéria	0.050	3.000	0.003
<i>Prevotella communis</i>	Bactéria	0.000	35.000	0.003
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Ruminococcus bovis</i>	Bactéria	0.100	8.000	0.003
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Prevotella melaninogenica</i>	Bactéria	0.000	35.000	0.003
<i>Candidatus Pelagibacter</i> sp. RS40	Bactéria	-	-	0.003
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Clostridium</i> sp. 10cd*	Bactéria	0.000	1.000	0.003
<i>Lactobacillus jensenii</i>	Bactéria	0.000	2.000	0.003
<i>Haemophilus pittmaniae</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.003
<i>Prevotella intermedia</i>	Bactéria	0.000	35.000	0.003
<i>Collinsella stercoris</i>	Bactéria	0.000	5.000	0.003

<i>Seonamhaecola sp. ML3</i>	Bactéria	-	-	0.003
<i>Streptococcus suis</i>	Bactéria	0.050	3.000	0.003
<i>Ehrlichia chaffeensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Lacrimispora sp. BS-2</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Ruminococcus gauvreauii</i>	Bactéria	0.100	8.000	0.002
<i>Porphyromonas levii</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Vibrio sp. DW001</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Pontibacter akesuensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Vibrio artabrorum</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Streptococcus pasteurianus</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.002
<i>Streptococcus australis</i>	Bactéria	0.000	0.001	0.002
<i>Finegoldia magna</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.002
<i>Parolsenella catena</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Salinimonas lutimaris</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Campylobacter sp. RM16192</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Clostridium sp. C1</i>	Bactéria	0.000	1.000	0.002
<i>Clostridium pasteurianum</i>	Bactéria	0.000	1.000	0.002
<i>Trichlorobacter lovleyi</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Trueperella pyogenes</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Rhodococcus erythropolis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Olsenella sp. oral taxon 807</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Hujiaoplasma nucleasis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Hafnia paralvei</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.002
<i>Chromobacterium sp. IIBBL 290-4</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Neokomagataea tanensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Paenibacillus konkukensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	Bactéria	0.000	0.078	0.002
<i>Caproicibacterium amyolyticum</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Oceanidesulfovibrio marinus</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Spiroplasma mirum</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Rothia mucilaginosa</i>	Bactéria	0.000	0.006	0.002
<i>Lacrimispora sp. HJ-01</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Gemella sanguinis</i>	Bactéria	0.000	0.004	0.002
<i>Proteiniphilum saccharofermentans</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Streptococcus mitis</i>	Bactéria	0.000	0.005	0.002
<i>Parvimonas micra</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.002
<i>Polaribacter gangjinensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Intestinibacillus sp. NTUH-41-i26</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Bactéria	0.000	0.056	0.002
<i>Novisyntrophococcus fermenticellae</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Salinibacter ruber</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Mycoplasma phocoenae</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Lacrimispora saccharolytica</i>	Bactéria	0.000	0.007	0.002
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	Bactéria	0.000	8.382	0.002
<i>Bacteroides sp. ZJ-18</i>	Bactéria	8.000	45.000	0.002

<i>Anaerostipes caccae</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.002
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Longicatena caecimuris</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Streptococcus thermophilus</i>	Bactéria	0.000	0.493	0.002
<i>Bacillus gobiensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Enterococcus faecalis</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.002
<i>Thermodesulfobacterium</i> sp. TA1	Bactéria	-	-	0.002
<i>Caproicibacterium</i> sp. BJN0003	Bactéria	-	-	0.002
<i>Aristaeella lactis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Pediococcus argentinicus</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Xylanibacter ruminicola</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Clostridium</i> sp. MB05	Bactéria	0.000	1.000	0.002
<i>Anaerostipes</i> sp. PC18	Bactéria	0.050	3.000	0.002
<i>Pseudomonas putida</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Eggerthella guodeyinii</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	Bactéria	0.000	0.613	0.002
<i>Slackia exigua</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Schaalia</i> sp. HMT-172	Bactéria	-	-	0.002
<i>Guyarkeria halophila</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Leptodesmis sichuanensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Leucobacter triazinivorans</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Neorhizobium</i> sp. CSC1952	Bactéria	-	-	0.002
<i>Hymenobacter weizhouensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Mixta gaviniae</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Porphyromonas</i> sp. oral taxon 275	Bactéria	-	-	0.002
<i>Prevotella</i> sp. E13-17	Bactéria	0.000	35.000	0.002
<i>Prevotella heparinolytica</i>	Bactéria	0.000	35.000	0.002
<i>Prevotella</i> sp. Rep29	Bactéria	0.000	35.000	0.002
<i>Achromobacter deleyi</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Arabiibacter massiliensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Francisella adeliensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Paenibacillus</i> sp. FSL H8-0537	Bactéria	-	-	0.002
<i>Bosea</i> sp. PAMC 26642	Bactéria	-	-	0.002
<i>Emergencia</i> sp. JLR.KK010	Bactéria	-	-	0.002
<i>Methylomarinum roseum</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Calditerrivibrio nitroreducens</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Mycoplasma</i> sp. gallinarum	Bactéria	-	-	0.002
<i>Bifidobacterium</i> sp. ESL0769	Bactéria	0.500	12.000	0.002
<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.002
<i>Shewanella basaltis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Segatella oris</i>	Bactéria	0.000	35.000	0.002
<i>Amycolatopsis bartoniae</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Fusobacterium hominis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Phascolarctobacterium succinatutens</i>	Bactéria	0.000	1.752	0.002
<i>Lachnoclostridium phytofermentans</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Mycoplasma</i> sp. 1018B	Bactéria	-	-	0.002
<i>Clostridium botulinum</i>	Bactéria	0.000	1.000	0.002
<i>Maricaulis</i> sp. MIT060901	Bactéria	-	-	0.002

<i>Microtetraspora malaysiensis</i>	Bactéria	-	-	0.002
<i>Akkermansia</i> sp. EB-AMDK43	Bactéria	0.050	4.000	0.001
<i>Breznakiella homolactica</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Haliangium ochraceum</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Frigoribacterium</i> sp. NBH87	Bactéria	-	-	0.001
<i>Fusarium oxysporum</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Aristaeella hokkaidonensis</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Eggerthella</i> sp. YY7918	Bactéria	-	-	0.001
<i>Deinococcus soli</i> (ex Cha et al. 2016)	Bactéria	-	-	0.001
<i>Ruminiclostridium herbifermentans</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Raoultibacter timonensis</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Pseudomonas</i> sp. LB3P93	Bactéria	-	-	0.001
<i>Proteiniclasticum</i> sp. QWL-01	Bactéria	-	-	0.001
<i>Campylobacter vicugnae</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Corynebacterium durum</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.001
<i>Lachnoanaerobaculum gingivalis</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Paludibacter propionigenes</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Cereibacter azotoformans</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Lacrimispora xylanolytica</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Labilithrix luteola</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Nocardioides</i> sp. HDW12B	Bactéria	-	-	0.001
<i>Verrucomicrobium</i> sp. GAS474	Bactéria	-	-	0.001
<i>Ornithobacterium rhinotracheale</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Murdochiella vaginalis</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Clostridium cellulovorans</i>	Bactéria	0.000	1.000	0.001
<i>Anaerofustis stercorihominis</i>	Bactéria	0.000	0.000	0.001
<i>Arachidicoccus terrestris</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Sporomusa rhizae</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Streptococcus oralis</i>	Bactéria	0.000	0.002	0.001
<i>Acidovorax</i> sp.	Bactéria	-	-	0.001
<i>Caproicibacterium lactatifermentans</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Cellulophaga lytica</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Pseudomonas</i> sp. R1-1	Bactéria	-	-	0.001
<i>Prevotella</i> sp. oral taxon 475	Bactéria	0.000	35.000	0.001
<i>Phenylobacterium zucineum</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Porphyromonas somerae</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Monoglobus pectinilyticus</i>	Bactéria	0.000	0.149	0.001
<i>Paraburkholderia atlantica</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Luteibacter flocculans</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Paenibacillus</i> sp. P36	Bactéria	-	-	0.001
<i>Xiamenia xianingshaonis</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Streptococcus salivarius</i>	Bactéria	0.000	0.584	0.001
<i>Streptomyces canus</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Selenomonas</i> sp. oral taxon 478	Bactéria	-	-	0.001
<i>Sphingomonas aerolata</i>	Bactéria	-	-	0.001
<i>Allobaculum</i> sp. Allo2	Bactéria	-	-	0.001

Microrganismo	Domínio	Ref. mín. (%)	Ref. máx. (%)	Abundância (%)
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	Arqueia	-	-	0.077
<i>Methanobrevibacter sp. TLL-48-HuF1</i>	Arqueia	-	-	0.002
<i>Methanobrevibacter intestini</i>	Arqueia	-	-	0.001

ANEXO II: PAINÉIS ESPECÍFICOS DE FUNGOS, LEVEDURAS E PARASITAS

Neste anexo detalham-se as espécies incluídas nos painéis de fungos, leveduras e parasitas analisados.

FUNGOS E LEVEDURAS

Espécies incluídas no painel		
<i>Aspergillus flavus</i>	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Meyerozyma guilliermondii</i>
<i>Aspergillus fumigatus</i>	<i>Clavispora lusitanae</i>	<i>Mucor circinelloides</i>
<i>Aspergillus nidulans</i>	<i>Coccidioides immitis</i>	<i>Paracoccidioides brasiliensis</i>
<i>Aspergillus niger</i>	<i>Cryptococcus gattii</i>	<i>Penicillium camemberti</i>
<i>Aspergillus oryzae</i>	<i>Cryptococcus neoformans</i>	<i>Penicillium chrysogenum</i>
<i>Aspergillus terreus</i>	<i>Debaryomyces hansenii</i>	<i>Penicillium expansum</i>
<i>Blastomyces dermatitidis</i>	<i>Fusarium oxysporum</i>	<i>Penicillium roqueforti</i>
<i>Candida albicans</i>	<i>Galactomyces candidum</i>	<i>Pichia kudriavzevii</i>
<i>Candida auris</i>	<i>Geotrichum candidum</i>	<i>Rhizopus microsporus</i>
<i>Candida dubliniensis</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<i>Rhizopus oryzae</i>
<i>Candida glabrata</i>	<i>Kluyveromyces lactis</i>	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>
<i>Candida krusei</i>	<i>Kluyveromyces marxianus</i>	<i>Saccharomyces boulardii</i>
<i>Candida lusitanae</i>	<i>Malassezia furfur</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>
<i>Candida metapsilosis</i>	<i>Malassezia globosa</i>	<i>Saccharomyces paradoxus</i>
<i>Candida orthopsilosis</i>	<i>Malassezia restricta</i>	<i>Trichosporon asahii</i>
<i>Candida parapsilosis</i>	<i>Malassezia sympodialis</i>	<i>Yarrowia lipolytica</i>

PARASITAS

Espécies incluídas no painel		
<i>Ancylostoma duodenale</i>	<i>Diphyllobothrium latum</i>	<i>Isospora belli</i>
<i>Anisakis simplex</i>	<i>Endolimax nana</i>	<i>Microsporidia</i>
<i>Ascaris lumbricoides</i>	<i>Entamoeba dispar</i>	<i>Necator americanus</i>
<i>Blastocystis hominis</i>	<i>Entamoeba histolytica</i>	<i>Pentatrichomonas hominis</i>
<i>Blastocystis sp.</i>	<i>Enterobius vermicularis</i>	<i>Schistosoma mansoni</i>
<i>Chilomastix mesnili</i>	<i>Fasciola hepatica</i>	<i>Strongyloides stercoralis</i>
<i>Cryptosporidium hominis</i>	<i>Giardia duodenalis</i>	<i>Taenia saginata</i>
<i>Cryptosporidium parvum</i>	<i>Giardia intestinalis</i>	<i>Taenia solium</i>
<i>Cyclospora cayetanensis</i>	<i>Giardia lamblia</i>	<i>Toxoplasma gondii</i>
<i>Cystoisospora belli</i>	<i>Hymenolepis nana</i>	<i>Trichuris trichiura</i>
<i>Dientamoeba fragilis</i>	<i>Iodamoeba butschlii</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>

ANEXO III: DEFINIÇÃO DAS FUNÇÕES ANALISADAS

Termo	Definição
Bactérias bucais	Microrganismos característicos da cavidade oral que são detetados no intestino. Uma vez que normalmente não colonizam de forma estável o ecossistema intestinal, a sua presença elevada pode refletir um desequilíbrio da microbiota, alterações nas barreiras digestivas ou alterações no trânsito gastrointestinal.
Barreira intestinal	Microrganismos implicados na manutenção da integridade do epitélio intestinal. Contribuem para reforçar as junções entre células, proteger contra patogénicos, modular a permeabilidade intestinal e preservar uma adequada função de defesa da mucosa.
Bifidobacterium spp.	Género bacteriano amplamente estudado pelo seu potencial probiótico. Está associado a efeitos benéficos sobre a digestão, a produção de metabolitos saudáveis, a modulação imunitária e a redução de processos inflamatórios intestinais.
Consumidoras de acetato	Microrganismos que utilizam acetato como substrato metabólico. A sua atividade contribui para modular a disponibilidade deste ácido gordo de cadeia curta e pode favorecer a produção de outros metabolitos benéficos, como o butirato.
Consumidoras de butirato	Bactérias capazes de utilizar butirato como fonte de energia. Quando se encontram em excesso, podem reduzir a disponibilidade local deste metabolito, limitando os seus efeitos benéficos sobre a mucosa intestinal e a função anti-inflamatória.
Consumidoras de GABA	Microrganismos que degradam ou utilizam ácido gama-aminobutírico (GABA), reduzindo a sua disponibilidade local. Esta atividade pode influenciar a comunicação do eixo intestino-cérebro, a motilidade intestinal e a regulação neuroimunitária.
Consumidoras de histamina	Bactérias capazes de degradar histamina. A sua presença pode contribuir para regular a acumulação desta amina biogénica e para reduzir respostas associadas a inflamação, hipersensibilidade, alergias ou desconforto gastrointestinal.
Consumidoras de lactato	Bactérias que utilizam lactato como substrato para gerar metabolitos benéficos, principalmente butirato e propionato. Ajudam a evitar a acumulação excessiva de lactato e contribuem para o equilíbrio metabólico do ecossistema intestinal.
Consumidoras de muco	Bactérias capazes de degradar o muco intestinal. Embora algumas façam parte de uma microbiota comensal equilibrada, o seu excesso pode comprometer a camada mucosa, aumentar a permeabilidade intestinal e favorecer a interação direta entre bactérias e epitélio.
Consumidoras de S-equol	Bactérias que degradam ou consomem S-equol, modulando a sua disponibilidade intestinal e sistémica. A sua atividade pode influenciar os efeitos hormonais associados a este metabolito derivado das isoflavonas.
Consumidoras de succinato	Microrganismos que metabolizam succinato e ajudam a controlar a sua acumulação. Esta função contribui para o equilíbrio metabólico da microbiota e pode limitar efeitos pró-inflamatórios associados a concentrações elevadas de succinato.
Consumidoras de trimetilamina	Bactérias capazes de degradar trimetilamina (TMA), contribuindo para reduzir a sua disponibilidade como precursora de TMAO. Esta função pode ter relevância na modulação do risco cardiometabólico.
Estimuladoras do muco	Bactérias que favorecem a produção de muco pelas células caliciformes intestinais. Contribuem para reforçar a barreira mucosa, proteger contra patogénicos, manter o epitélio e reduzir a translocação bacteriana.
Formadoras do estroboloma	Microrganismos que fazem parte do estroboloma, o conjunto funcional da microbiota capaz de transformar estrogénios conjugados inativos em formas livres ativas que podem recircular. O seu desequilíbrio pode influenciar a homeostase hormonal.
Imunomoduladoras	Bactérias que interagem com o sistema imunitário e contribuem para regular a tolerância, a resposta contra patogénicos e o controlo da inflamação. Um perfil equilibrado ajuda a prevenir respostas inflamatórias excessivas.
Lactobacillus spp.	Grupo de bactérias lácticas amplamente utilizado no âmbito probiótico. Está relacionado com a saúde digestiva, a produção de ácidos orgânicos, a competição contra patogénicos e a modulação da resposta imunitária.
Metabolizadoras de ácidos biliares	Bactérias capazes de transformar ácidos biliares primários em ácidos biliares secundários através de processos como a desconjugação. Esta atividade pode influenciar a digestão de gorduras, a sinalização metabólica e o equilíbrio intestinal.
Metabolizadoras da lactose (tolerância à lactose)	Bactérias capazes de metabolizar lactose e facilitar o seu aproveitamento no intestino. A sua presença pode contribuir para melhorar a tolerância digestiva em pessoas com menor capacidade para digerir este açúcar.

Outras espécies probióticas	Microrganismos com potencial benefício para o hospedeiro pela sua capacidade de produzir metabolitos saudáveis, competir com patogênicos, modular o sistema imunitário ou contribuir para o equilíbrio funcional da microbiota intestinal.
Disruptora da pele	Bactérias associadas a alterações da barreira cutânea através de metabolitos que podem ser absorvidos e circular sistemicamente. O seu desequilíbrio pode contribuir para processos inflamatórios ou disfunções relacionadas com a pele.
Protetora da pele	Bactérias que podem favorecer a saúde da barreira cutânea através da produção de metabolitos com efeitos benéficos a nível sistémico. A sua atividade pode contribuir para a modulação inflamatória e para a manutenção da integridade cutânea.
Produtora de IAA	Microrganismos que geram ácido indolacético (IAA), um metabolito derivado do triptofano com funções sinalizadoras no eixo intestino-cérebro. Em determinados contextos pode transformar-se em compostos como o indoxil sulfato, com potencial impacto renal se se acumular.
Produtora de lipopolissacáridos (LPS)	Bactérias gram-negativas produtoras de lipopolissacáridos, moléculas estruturais da membrana externa bacteriana. Uma libertação elevada de LPS pode ativar respostas imunitárias, favorecer inflamação sistémica e aumentar a permeabilidade intestinal.
Produtora de S-equol	Bactérias capazes de converter isoflavonas em S-equol, um metabolito com atividade estrogénica fraca. A sua produção pode contribuir para o equilíbrio hormonal e tem sido relacionada com o alívio de determinados sintomas associados à menopausa.
Produtoras de acetato	Microrganismos que produzem acetato, um ácido gordo de cadeia curta relevante para o metabolismo energético, a regulação do apetite, a manutenção da barreira intestinal e a modulação do sistema imunitário.
Produtoras de acetilcolina	Bactérias capazes de produzir acetilcolina, um neurotransmissor implicado na motilidade intestinal, na comunicação neuronal e na regulação de funções fisiológicas do eixo intestino-cérebro.
Produtoras de amónio	Microrganismos que libertam amónio como subproduto do metabolismo nitrogenado. A sua acumulação pode ser tóxica e afetar negativamente a função intestinal, o equilíbrio metabólico e o bem-estar geral.
Produtoras de BCFA	Bactérias que geram ácidos gordos de cadeia ramificada (BCFA) como resultado do metabolismo proteico. Embora façam parte do metabolismo microbiano normal, uma produção elevada pode relacionar-se com excesso de fermentação proteica e inflamação intestinal.
Produtoras de butirato	Microrganismos benéficos que produzem butirato, um ácido gordo de cadeia curta essencial para a saúde intestinal. O butirato atua como fonte de energia para os colonócitos, reforça a barreira intestinal e exerce efeitos anti-inflamatórios.
Produtoras de cadaverina	Microrganismos capazes de produzir cadaverina, uma amina biogénica derivada da descarboxilação da lisina. A sua acumulação pode participar na modulação da permeabilidade intestinal, na resposta inflamatória e nas interações micróbio-hospedeiro.
Produtoras de dopamina	Microrganismos capazes de sintetizar dopamina, um neurotransmissor relacionado com a motivação, a recompensa, a regulação intestinal e a comunicação do eixo intestino-cérebro.
Produtoras de etanol	Microrganismos que fermentam substratos e geram etanol. Uma sobreprodução intestinal pode associar-se a disbiose, dano hepático ou fenómenos de autofermentação em contextos específicos.
Produtoras de formato	Microrganismos capazes de gerar formato ou ácido fórmico como produto metabólico, principalmente através de fermentação anaeróbia de hidratos de carbono e aminoácidos. Participam no metabolismo energético microbiano e em interações tróficas entre espécies.
Produtoras de GABA	Microrganismos que produzem ácido gama-aminobutírico (GABA), um neurotransmissor inibidor com capacidade para modular a motilidade gastrointestinal, a sensibilidade visceral e a comunicação do eixo intestino-cérebro.
Produtoras de glutamato	Bactérias que sintetizam glutamato, um neurotransmissor excitador implicado em funções neuronais, metabólicas e intestinais. O seu desequilíbrio pode influenciar a motilidade e contribuir para sintomas como diarreia ou obstipação.
Produtoras de hidrogénio	Microrganismos que produzem hidrogénio como subproduto da fermentação intestinal. Uma produção elevada pode contribuir para acumulação de gás, inchaço, distensão abdominal e desequilíbrios fermentativos.
Produtoras de histamina	Microrganismos capazes de produzir histamina a partir de aminoácidos. Um excesso pode contribuir para inflamação, sintomas alérgicos, hipersensibilidade alimentar e alterações gastrointestinais.
Produtoras de indol	Bactérias que metabolizam o triptofano e geram indóis. Estes compostos podem exercer efeitos benéficos ou prejudiciais consoante o contexto, a concentração e o equilíbrio funcional da microbiota.

Produtoras de IPA	Bactérias que sintetizam ácido indol-3-propiónico (IPA), um metabolito derivado do triptofano com propriedades antioxidantes, anti-inflamatórias e potencialmente neuroprotetoras, associado à manutenção da homeostase intestinal.
Produtoras de lactato	Microrganismos que geram lactato como produto fermentativo. O lactato pode ser benéfico quando outras bactérias o transformam em butirato ou propionato, mas a sua acumulação excessiva pode favorecer acidificação, disbiose e desconforto digestivo.
Produtoras de metano	Arqueias intestinais que produzem metano durante a fermentação. A sua presença elevada tem sido associada a trânsito intestinal mais lento, acumulação de gás e sintomas compatíveis com obstipação ou distensão abdominal.
Produtoras de p-cresol	Bactérias que produzem p-cresol, um metabolito derivado do metabolismo proteico. Em excesso pode danificar a mucosa intestinal e, se se acumular sistemicamente, atuar como toxina urémica.
Produtoras de propionato	Bactérias que sintetizam propionato, um ácido gordo de cadeia curta com funções benéficas sobre o metabolismo energético, o controlo do apetite, a saúde metabólica e a regulação imunitária.
Produtoras de quinolinato	Microrganismos capazes de sintetizar quinolinato, um metabolito neuroativo derivado da via do triptofano-quinurenina. A sua acumulação tem sido associada a processos de neuroinflamação e alterações do equilíbrio neuroimunitário.
Produtoras de sulfureto de hidrogénio	Microrganismos capazes de gerar sulfureto de hidrogénio (H ₂ S). Em concentrações fisiológicas pode participar na sinalização, mas em excesso pode danificar o epitélio intestinal, favorecer disbiose e gerar gases de odor intenso característico.
Produtoras de tiramina	Microrganismos capazes de produzir tiramina, uma amina biogénica derivada da descarboxilação da tirosina. A sua acumulação pode ter efeitos neuromoduladores, vasculares e imunológicos a nível intestinal e sistémico.
Produtoras de trimetilamina	Microrganismos que metabolizam colina, carnitina e outros compostos dietéticos para gerar trimetilamina (TMA), precursora de TMAO. Este metabolito tem sido relacionado com processos cardiometabólicos e risco cardiovascular.
Produtoras de triptamina	Microrganismos que convertem o triptofano em triptamina, um neuromodulador intestinal capaz de influenciar a motilidade, a secreção intestinal e a regulação imunitária local.
Produtoras de vitamina B12	Bactérias capazes de produzir cobalamina ou vitamina B12, micronutriente essencial para o sistema nervoso, a síntese de ADN e a formação de glóbulos vermelhos.
Produtoras de vitamina B9	Microrganismos capazes de sintetizar ácido fólico ou vitamina B9, nutriente essencial para a síntese de ADN, a divisão celular e a manutenção de funções metabólicas chave.
Produtoras de vitamina K2	Bactérias que geram menaquinonas ou vitamina K2, compostos importantes para a coagulação, o metabolismo ósseo e a regulação de processos relacionados com a saúde cardiovascular.
Pró-inflamatórias	Microrganismos associados à ativação do sistema imunitário e a processos de inflamação crónica intestinal. Uma presença elevada pode contribuir para disbiose e relacionar-se com doenças inflamatórias, metabólicas ou alterações da permeabilidade intestinal.
Proteolíticas	Bactérias que degradam proteínas e produzem metabolitos como amónio, indóis, fenóis ou aminas biogénicas. Uma atividade proteolítica elevada pode ser prejudicial para a mucosa intestinal e favorecer inflamação ou translocação bacteriana.
Regulação da serotonina	Bactérias implicadas na síntese, disponibilidade ou modulação da serotonina. Esta função pode influenciar o estado de espírito, a motilidade intestinal, a sensibilidade visceral e a regulação do apetite.
Reguladoras da síntese de quinurenina	Microrganismos que modulam a via do triptofano-quinurenina, implicada na comunicação entre metabolismo, sistema imunitário e sistema nervoso. O seu desequilíbrio pode relacionar-se com neuroinflamação e saúde mental.
Reguladoras do muco	Microrganismos capazes de estimular a produção ou degradação de mucina, principal componente do muco intestinal. Em equilíbrio contribuem para manter uma mucosa funcional; em excesso ou défice podem comprometer a barreira intestinal.
Sensibilidade ao trigo	Bactérias associadas à degradação de componentes do trigo e à modulação de respostas imunitárias em pessoas sensíveis ao glúten ou a outros compostos do cereal. O seu desequilíbrio pode contribuir para sintomas intestinais.

ANEXO IV: RECOMENDAÇÕES GERAIS DE ALIMENTOS POR DOMÍNIO FUNCIONAL

INFLAMAÇÃO / LPS

INFLAMAÇÃO / LPS

Os alimentos desta secção favorecem a produção de Ácidos Gordos de Cadeia Curta (AGCC), ajudam a modular a inflamação intestinal e contribuem para o equilíbrio microbiano.

Alimento	Componente
Óleo de canola	Polifenóis do azeite
Óleo de fígado de bacalhau	Polifenóis do azeite
Óleo de linhaça	Fibra e polifenóis
Azeite virgem extra	Polifenóis do azeite
Óleo de peixe	Ómega-3 (EPA/DHA)
Óleo de salmão	Ómega-3 (EPA/DHA)
Azeitonas pretas	Fibra fermentável
Acelgas	Fibra fermentável
Chicória	Fibra fermentável
Abacate	Fibra fermentável
Alperce	Fibra fermentável
Alcaparra	Fibra fermentável
Amêijoas	Fibra fermentável
Amêndoas	Fibra e polifenóis
Feijão branco	Galactooligossacáridos (GOS)
Feijão vermelho	Galactooligossacáridos (GOS)
Castanhas de caju	Fibra fermentável
Anchovas	Fibra fermentável
Enguia	Fibra fermentável
Mirtilos	Fibra fermentável
Arenque	Fibra fermentável
Artemísia	Fibra fermentável
Atum	Ómega-3 (EPA/DHA)
Avelãs	Fibra e polifenóis
Açafrão	Fibra fermentável
Bacalhau	Fibra fermentável
Bardana	Fibra fermentável
Bagas de sabugueiro	Fibra fermentável
Beringela	Fibra fermentável
Biqueirões	Fibra fermentável
Brócolos	Fibra fermentável
Sarda	Ómega-3 (EPA/DHA)
Amendoins	Fibra fermentável
Cacau	Fibra fermentável
Café	Fibra fermentável
Carne de porco	Fibra fermentável
Carne de vitela	Fibra fermentável
Carne de vitela alimentada com pasto	Fibra fermentável

Alimento	Componente
Folhas de dente-de-leão	Fibra fermentável
Ovos	Fibra fermentável
Jícama	Fibra fermentável
Feijão-verde	Galactooligossacáridos (GOS)
Couve-kale	Fibra fermentável
Kamut	Fibra fermentável
Kiwi	Fibra fermentável
Leite	Fibra fermentável
Leite de soja	Fibra fermentável
Leite gordo	Fibra fermentável
Alface	Fibra fermentável
Lentilhas	Galactooligossacáridos (GOS)
Lima	Fibra fermentável
Limão	Pectinas
Robalo	Fibra fermentável
Milho	Fibra fermentável
Tangerina	Fibra fermentável
Manga	Fibra fermentável
Manteiga	Fibra fermentável
Maracujá	Fibra fermentável
Melão	Fibra fermentável
Marmelos	Fibra fermentável
Mel	Fibra fermentável
Painço	Fibra fermentável
Miso	Fibra fermentável
Amoras	Fibra fermentável
Laranja	Pectinas
Nectarinas	Fibra fermentável
Nozes	Fibra fermentável
Pão de centeio	Fibra fermentável
Pão integral	Fibra fermentável
Papaia	Fibra fermentável
Peru	Fibra fermentável
Peito de frango	Fibra fermentável
Salsa	Fibra fermentável
Pimento	Fibra fermentável
Pimento vermelho	Fibra fermentável
Pimento verde	Fibra fermentável
Ananás	Fibra fermentável
Sementes de girassol	Fibra fermentável
Banana	Amido resistente

Alimento	Componente
Carne de vaca	Fibra fermentável
Cevada	Fibra fermentável
Centeio	Fibra fermentável
Cerejas	Fibra fermentável
Chia	Fibra fermentável
Chocolate preto	Fibra fermentável
Ameixas	Fibra fermentável
Coco	Fibra fermentável
Couve	Fibra fermentável
Couve chinesa	Fibra fermentável
Couve-de-bruxelas	Fibra fermentável
Couve-roxa	Fibra fermentável
Couve-galega	Fibra fermentável
Couves-de-bruxelas	Fibra fermentável
Couve-flor	Fibra fermentável
Borrego	Fibra fermentável
Corriola	Fibra fermentável
Caril	Fibra fermentável
Edamame	Fibra fermentável
Espargos	Frutooligossacáridos (FOS) e Inulina
Espinafres	Fibra fermentável
Extrato de groselheira	Fibra fermentável
Framboesas	Fibra fermentável
Morangos	Fibra fermentável
Feijão	Fibra fermentável
Frutos silvestres	Fibra fermentável
Camarão	Fibra fermentável
Grão-de-bico	Galactooligossacáridos (GOS)
Grelos	Fibra fermentável
Groselhas pretas	Fibra fermentável
Goiaba	Fibra fermentável
Ervilhas	Fibra fermentável
Favas	Fibra fermentável
Farinha de trigo integral	Fibra fermentável
Fígado	Fibra fermentável
Fígado de frango	Fibra fermentável
Fígado de vitela	Fibra fermentável
Fígado de vaca	Fibra fermentável
Figos	Fibra fermentável
Funcho	Fibra fermentável
Folhas de feno-grego	Fibra fermentável
Folhas de artemísia	Fibra fermentável

Alimento	Componente
Banana-da-terra	Amido resistente
Banana verde	Amido resistente
Frango	Fibra fermentável
Toranjias	Fibra fermentável
Beldroega	Fibra fermentável
Queijo	Fibra fermentável
Queijo cheddar	Fibra fermentável
Queijos macios	Fibra fermentável
Queijos curados	Fibra fermentável
Quinoa	Fibra fermentável
Rabanete	Fibra fermentável
Raiz de chicória	Fibra fermentável
Raiz de dente-de-leão	Fibra fermentável
Beterraba	Fibra fermentável
Repolho	Fibra fermentável
Salmão	Ómega-3 (EPA/DHA)
Farelo de trigo	Fibra fermentável
Sardinhas	Ómega-3 (EPA/DHA)
Sementes de feno-grego	Fibra e polifenóis
Sementes de girassol	Fibra e polifenóis
Sementes de linhaça	Fibra e polifenóis
Sementes de onagra	Fibra e polifenóis
Sementes de sésamo	Fibra e polifenóis
Sésamo	Fibra fermentável
Soja	Fibra fermentável
Chá preto	Fibra fermentável
Chá verde	Fibra fermentável
Tempeh	Fibra fermentável
Vitela	Fibra fermentável
Toucinho	Fibra fermentável
Tofu	Fibra fermentável
Tomate	Fibra fermentável
Trigo de grão inteiro	Fibra fermentável
Trigo integral	Fibra fermentável
Trigo mourisco	Fibra fermentável
Truta	Fibra fermentável
Uvas	Fibra fermentável
Uvas roxas	Fibra fermentável
Uvas tintas	Fibra fermentável
Gema de ovo	Fibra fermentável
Mandioca	Fibra fermentável
Mandioca cozida e arrefecida	Fibra fermentável

BARRERA INTESTINAL

BARREIRA INTESTINAL

Os alimentos desta secção favorecem a produção de butirato, melhoram a função da barreira intestinal e contribuem para a manutenção das junções intercelulares (*tight junctions*).

Alimento	Componente
Alho	Frutooligossacáridos (FOS) e Inulina
Alhos tenros	Frutooligossacáridos (FOS) e Inulina
Alcachofra	Frutooligossacáridos (FOS) e Inulina
Arroz	Amido resistente
Arroz cozido e arrefecido	Amido resistente
Arroz integral	Amido resistente
Aveia	Amido resistente
Batata-doce	Amido resistente
Batata-doce cozida e arrefecida	Amido resistente
Abóbora	Pectinas
Cebola	Frutooligossacáridos (FOS) e Inulina
Cebola roxa	Frutooligossacáridos (FOS) e Inulina
Kefir	Fermentação láctica (lactato e acetato)
Maçãs	Pectinas
Maçãs (com casca)	Pectinas
Batata assada com casca	Amido resistente
Batata cozida e arrefecida	Amido resistente
Pera	Pectinas
Alho-francês	Frutooligossacáridos (FOS) e Inulina
Farelo de arroz	Amido resistente
Sementes de abóbora	Pectinas
Soja fermentada	Fermentação láctica (lactato e acetato)
Iogurte gordo	Fermentação láctica (lactato e acetato)
Cenoura	Pectinas

ANEXO V: GUIA DE PREBIÓTICOS

O microbioma intestinal contém espécies microbianas que digerem tanto fibra como proteínas. **Os prebióticos são componentes dos alimentos que determinados microrganismos intestinais** utilizam seletivamente, gerando efeitos potencialmente benéficos para a saúde.

TIPOS DE PREBIÓTICOS

Os prebióticos não atuam todos da mesma forma. Cada tipo pode favorecer grupos bacterianos e funções diferentes, como a produção de ácidos gordos de cadeia curta, a manutenção da barreira intestinal ou a regulação imunitária. A abundância indicada reflete a sua presença estimada na seleção de alimentos recomendados, não a quantidade que deve ser consumida.

Abreviatura	Prebiótico	Abundância	Função
PAC	Proantocianidinas	5 %	Polifenóis com efeito antioxidante e anti-inflamatório. Modulam o microbioma e ajudam a inibir bactérias patogênicas.
RS	Amido resistente	27 %	Fermenta no cólon e aumenta a produção de butirato, melhorando a saúde intestinal e metabólica.
PEC	Pectina	27 %	Fibra solúvel fermentável que favorece bactérias benéficas e melhora a função da barreira intestinal.
AX	Arabinosilano	32 %	Estimula bactérias produtoras de ácidos gordos de cadeia curta, especialmente butirato.
GOS	Galactooligossacarídeos	45 %	Favorecem bifidobactérias e lactobacilos. Apoiam a função imunológica.
INU	Inulina	59 %	Fibra fermentável que estimula bactérias benéficas e melhora o trânsito intestinal.
FOS	Frutooligossacarídeos	86 %	Principal fonte de energia prebiótica para bactérias benéficas. Favorece a diversidade microbiana.

BACTÉRIAS BENEFICIOSAS E PREBIÓTICOS ASSOCIADOS

BACTÉRIAS BENEFICIOSAS E PREBIÓTICOS ASSOCIADOS

Esta tabela relaciona determinadas bactérias benéficas com os prebióticos que podem favorecer o seu crescimento ou atividade. Estas associações servem como orientação para personalizar a alimentação, mas a resposta depende do conjunto do microbioma, da tolerância digestiva e da situação clínica de cada pessoa.

Nome da espécie	Prebióticos para aumentar o crescimento
<i>Agathobacter faecis</i>	FOS, AX, RS
<i>Agathobacter rectalis</i>	FOS, INU, AX, RS
<i>Akkermansia muciniphila</i>	FOS, PAC
<i>Anaerostipes hadrus</i>	FOS, INU
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	FOS, INU, GOS, PEC, AX
<i>Bifidobacterium angulatum</i>	FOS, GOS
<i>Bifidobacterium animalis</i>	FOS, INU
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	FOS, INU, GOS
<i>Bifidobacterium breve</i>	FOS, INU, GOS, PEC, AX, RS
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	FOS, GOS
<i>Bifidobacterium infantis</i>	FOS, INU, GOS, AX
<i>Bifidobacterium longum</i>	FOS, INU, GOS, PEC
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	GOS
<i>Coprococcus comes</i>	FOS, INU
<i>Coprococcus eutactus</i>	FOS, INU
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> (A)	FOS, INU, PEC
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> (C)	FOS, INU, PEC
<i>Lactobacillus gasseri</i>	GOS, PEC
<i>Roseburia hominis</i>	FOS, AX
<i>Roseburia intestinalis</i>	FOS, AX, RS
<i>Roseburia inulinivorans</i>	FOS, INU, RS
<i>Ruminococcus bromii</i>	GOS, RS

MICROORGANISMOS POTENCIALMENTE PREJUDICIAIS

A presença destes microrganismos não implica necessariamente doença. A sua relevância depende da sua abundância, do equilíbrio com o resto da microbiota e do contexto clínico. As recomendações dietéticas destinam-se a limitar as condições que favorecem a sua expansão e a promover um ecossistema intestinal mais equilibrado.

Espécie	Recomendação dietética
<i>Bilophila wadsworthia</i>	Aumentar a inulina e reduzir as gorduras saturadas.
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	Aumentar os flavonoides.

ALIMENTOS E PREBIÓTICOS ASSOCIADOS

Os pontos verdes indicam que tipos de prebióticos cada alimento fornece principalmente. Esta tabela permite combinar diferentes fontes vegetais para aumentar a diversidade de substratos disponíveis para a microbiota. A incorporação deve ser progressiva e adaptar-se à tolerância digestiva, especialmente se existir distensão, gases ou sensibilidade intestinal.

Alimento	FOS	INU	GOS	PEC	AX	RS	PAC
Alho	●	●	●	●	●	●	●
Alperce	●	●	●	●	●	●	●
Tupinambo	●	●	●	●	●	●	●
Amêndoas	●	●	●	●	●	●	●
Castanhas de caju	●	●	●	●	●	●	●
Arroz (cozido e arrefecido)	●	●	●	●	●	●	●
Mirtilos	●	●	●	●	●	●	●
Arando-vermelho	●	●	●	●	●	●	●
Avelãs	●	●	●	●	●	●	●
Aveia	●	●	●	●	●	●	●
Batata-doce	●	●	●	●	●	●	●
Beringela	●	●	●	●	●	●	●
Amendoins	●	●	●	●	●	●	●
Abóbora	●	●	●	●	●	●	●
Canela	●	●	●	●	●	●	●
Cevada	●	●	●	●	●	●	●
Cebola	●	●	●	●	●	●	●
Cebolinhas	●	●	●	●	●	●	●
Centeio	●	●	●	●	●	●	●
Cereais (farelo)	●	●	●	●	●	●	●
Chocolate preto	●	●	●	●	●	●	●
Ameixa	●	●	●	●	●	●	●
Couves-de-bruxelas	●	●	●	●	●	●	●
Framboesas	●	●	●	●	●	●	●
Morangos	●	●	●	●	●	●	●
Grão-de-bico	●	●	●	●	●	●	●
Ervilhas	●	●	●	●	●	●	●
Funcho	●	●	●	●	●	●	●
Feijão branco	●	●	●	●	●	●	●
Feijão vermelho	●	●	●	●	●	●	●
Kiwi	●	●	●	●	●	●	●
Lentilhas vermelhas	●	●	●	●	●	●	●

Limão	●	●	●	●	●	●	●
Maçã	●	●	●	●	●	●	●
Amoras	●	●	●	●	●	●	●
Laranja	●	●	●	●	●	●	●
Pão de centeio	●	●	●	●	●	●	●
Pão integral	●	●	●	●	●	●	●
Massa arrefecida	●	●	●	●	●	●	●
Batata arrefecida	●	●	●	●	●	●	●
Pera	●	●	●	●	●	●	●
Pistácios	●	●	●	●	●	●	●
Banana verde	●	●	●	●	●	●	●
Alho-francês	●	●	●	●	●	●	●
Raiz de chicória	●	●	●	●	●	●	●
Beterraba	●	●	●	●	●	●	●
Farelo de trigo	●	●	●	●	●	●	●
Tomate	●	●	●	●	●	●	●
Trigo integral	●	●	●	●	●	●	●
Cenoura	●	●	●	●	●	●	●

ANEXO VI: TECNOLOGIA

A análise metagenómica é realizada através de sequenciação massiva de ADN com tecnologia **Oxford Nanopore**, baseada na leitura direta de moléculas individuais através de nanoporos. Esta abordagem permite obter leituras longas (*long-reads*), favorecendo uma caracterização mais completa do microbioma e uma maior resolução taxonómica face a tecnologias de leitura curta.

As leituras obtidas são submetidas a processos de controlo de qualidade, filtragem e análise bioinformática para obter dados tecnicamente válidos. A classificação taxonómica é realizada através de uma *pipeline* específica para metagenómica Nanopore, permitindo identificar os microrganismos presentes e estimar a sua abundância relativa desde o nível de domínio até espécie.

Além disso, a análise incorpora informação funcional associada à comunidade microbiana, proporcionando uma visão complementar das suas capacidades metabólicas potenciais. Os resultados são gerados em ficheiros tabulares estruturados que incluem abundâncias por espécie, classificação taxonómica e anotação funcional, constituindo a base para a interpretação clínica do perfil metagenómico intestinal.

REFERÊNCIAS

METAGENÓMICA (OXFORD NANOPORE)

- [1] Deamer, D., Akeson, M., Branton, D. (2016). Three decades of nanopore sequencing. *Nature Biotechnology*, 34(5), 518–524. <https://doi.org/10.1038/nbt.3423>
- [2] Quick, J., Loman, N. J., Duraffour, S., Simpson, J. T., Severi, E., Cowley, L., Bore, J. A., Koundouno, R., Dudas, G., Mikhail, A., Ouédraogo, N., Afrough, B., Bah, A., Baum, J. H. J., Becker-Ziaja, B., Boettcher, J. P., Cabeza-Cabrerizo, M., Camino-Sánchez, Á., Carter, L. L., ... Carroll, M. W. (2016). Real-time, portable genome sequencing for Ebola surveillance. *Nature*, 530(7589), 228–232. <https://doi.org/10.1038/nature16996>
- [3] Moss, E. L., Maghini, D. G., Bhatt, A. S. (2020). Complete, closed bacterial genomes from microbiomes using nanopore sequencing. *Nature Biotechnology*, 38(6), 701–707. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0422-6>
- [4] Tyler, A. D., Mataseje, L., Urfano, C. J., Schmidt, L., Antonation, K. S., Mulvey, M. R., Corbett, C. R. (2018). Evaluation of Oxford Nanopore's MinION sequencing device for microbial whole genome sequencing applications. *Scientific Reports*, 8, 10931. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-29334-5>
- [5] Leggett, R. M., Clark, M. D. (2017). A world of opportunities with nanopore sequencing. *Journal of Experimental Botany*, 68(20), 5419–5429. <https://doi.org/10.1093/jxb/erx289>
- [6] Laver, T., Harrison, J., O'Neill, P. A., Moore, K., Farbos, A., Paszkiewicz, K., Studholme, D. J. (2015). Assessing the performance of the Oxford Nanopore Technologies MinION. *Biomolecular Detection and Quantification*, 3, 1–8. <https://doi.org/10.1016/j.bdq.2015.02.001>

CONSÓRCIOS INTERNACIONAIS DE MICROBIOMA

- [7] Human Microbiome Project Consortium. (2012). Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 486(7402), 207–214. <https://doi.org/10.1038/nature11234>
- [8] The Integrative Human Microbiome Project Research Network Consortium. (2019). The Integrative Human Microbiome Project. *Nature*, 569(7758), 641–648. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1238-8>
- [9] Qin, J., Li, R., Raes, J., Arumugam, M., Burgdorf, K. S., Manichanh, C., Nielsen, T., Pons, N., Levenez, F., Yamada, T., Mende, D. R., Li, J., Xu, J., Li, S., Li, D., Cao, J., Wang, B., Liang, H., Zheng, H., Xie, Y., Tap, J., Lepage, P., Bertalan, M., Batto, J. M., Hansen, T., Le Paslier, D., Linneberg, A., Nielsen, H. B., Pelletier, E., Renault, P., Sicheritz-Ponten, T., Turner, K., Zhu, H., Yu, C., Jian, M., Zhou, Y., Li, Y., Zhang, X., Qin, N., Yang, H., Wang, J., Brunak, S., Doré, J., Guarner, F., Kristiansen, K., Pedersen, O., Parkhill, J., Weissenbach, J., Bork, P., Ehrlich, S. D., Wang, J. (2010). A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*, 464(7285), 59–65. <https://doi.org/10.1038/nature08821>
- [10] Gilbert, J. A., Jansson, J. K., Knight, R. (2014). The Earth Microbiome Project: Successes and aspirations. *BMC Biology*, 12, 69. <https://doi.org/10.1186/s12915-014-0069-1>
- [11] International Human Microbiome Consortium. (s. f.). International Human Microbiome Consortium. <https://human-microbiome.org>
- [12] Human Microbiome Project. (s. f.). Human Microbiome Project Data Analysis and Coordination Center. <https://hmpdacc.org>

SOCIEDADES CIENTÍFICAS E GUIAS DE GASTROENTEROLOGIA

- [13] Su, G. L., Ko, C. W., Bercik, P., Falck-Ytter, Y., Sultan, S., Weizman, A. V., Morgan, R. L. (2020). AGA Clinical Practice Guidelines on the Role of Probiotics in the Management of Gastrointestinal Disorders. *Gastroenterology*, 159(2), 697–705. <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2020.05.059>
- [14] Ko, C. W., Singh, S., Feuerstein, J. D., Falck-Ytter, C., Falck-Ytter, Y., Cross, R. K., American Gastroenterological Association Institute Clinical Guidelines Committee. (2019). AGA Clinical Practice Guidelines on the Management of Mild-to-Moderate Ulcerative Colitis. *Gastroenterology*, 156(3), 748–764. <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2018.12.009>
- [15] Lacy, B. E., Pimentel, M., Brenner, D. M., Chey, W. D., Keefer, L. A., Long, M. D., Moshiree, B., Chang, L., Lembo, A. J. (2021). ACG Clinical Guideline: Management of Irritable Bowel Syndrome. *American Journal of Gastroenterology*, 116(1), 17–44. <https://doi.org/10.14309/AJG.0000000000001036>
- [16] Kelly, C. R., Fischer, M., Allegretti, J. R., LaPlante, K., Stewart, D. B., Limketkai, B. N., Stollman, N. H. (2021). ACG Clinical Guidelines: Prevention, Diagnosis, and Treatment of Clostridioides difficile Infections. *American Journal of Gastroenterology*, 116(6), 1124–1147. <https://doi.org/10.14309/ajg.0000000000001278>

- [17] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Probiotics and Prebiotics. Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org/guidelines/probiotics-and-prebiotics/probiotics-and-prebiotics-english>
- [18] Guarner, F., Sanders, M. E., Eliakim, R., Fedorak, R., Gangl, A., Garisch, J., Kaufmann, P., Karakan, T., Khan, A. G., Kim, N., de Paula, J. A., Ramakrishna, B., Shanahan, F., Szajewska, H., Thomson, A., Le Mair, A. (2023). World Gastroenterology Organisation Global Guidelines: Probiotics and Prebiotics. World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org/UserFiles/file/guidelines/probiotics-and-prebiotics-english-2023.pdf>
- [19] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Irritable Bowel Syndrome. Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org>
- [20] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Inflammatory Bowel Disease. Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org>
- [21] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Helicobacter pylori. Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org>
- [22] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Small Intestinal Bacterial Overgrowth (SIBO). Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org>
- [23] Harbord, M., Eliakim, R., Bettenworth, D., Karmiris, K., Katsanos, K., Kopylov, U., Kucharzik, T., Molnár, T., Raine, T., Sebastian, S., de Sousa, H. T., Dignass, A., Carbonnel, F., European Crohn's and Colitis Organisation. (2017). Third European Evidence-Based Consensus on Diagnosis and Management of Ulcerative Colitis. Part 2: Current Management. Journal of Crohn's and Colitis, 11(7), 769–784. <https://doi.org/10.1093/ecco-jcc/jjx009>
- [24] Torres, J., Bonovas, S., Doherty, G., Kucharzik, T., Gisbert, J. P., Raine, T., Adamina, M., Armuzzi, A., Bachmann, O., Bager, P., Biancone, L., Bokemeyer, B., Bossuyt, P., Burisch, J., Collins, P., El-Hussuna, A., Ellul, P., Fiorino, G., Frei-Lanter, C., ... Magro, F. (2020). ECCO Guidelines on Therapeutics in Crohn's Disease: Medical Treatment. Journal of Crohn's and Colitis, 14(1), 4–22. <https://doi.org/10.1093/ecco-jcc/jjz180>

SOCIEDADES E DOCUMENTOS ESPANHÓIS DE MICROBIOTA, PROBIÓTI-COS, PREBIÓTI-COS E PATOLOGIA DIGESTIVA

- [25] Sociedad Española de Farmacia Familiar y Comunitaria, Sociedad Española de Probióticos y Prebióticos. (2018). Guía de actuación y documento de consenso sobre el manejo de probióticos y/o prebióticos en la farmacia comunitaria. SEFAC-SEPyP. [Guía SEFAC-SEPyP sobre probióticos](#)
- [26] Sociedad Española de Microbiota, Probióticos y Prebióticos. (s. f.). Publicaciones científicas. SEMiPyP. <https://semipyp.es/publicaciones-cientificas/>
- [27] De la Fuente del Rey, M., González-Pinto, A., Pérez-Miralles, F. C. (Coords.). (2021). Documento de consenso sobre la microbiota y el uso de probióticos/prebióticos en patologías neurológicas y psiquiátricas. Sociedad Española de Microbiota, Probióticos y Prebióticos, Sociedad Española de Psiquiatría Biológica y Sociedad Española de Neurología. ISBN: 978-84-17844-98-1.
- [28] Evaristo Suárez, J., Álvarez Calatayud, G., otros autores. (Eds.). (2022). Microbiota, probióticos y prebióticos: evidencia científica. Madrid: Ergon. ISBN: 978-84-18576-49-2.
- [29] Sociedad Española de Patología Digestiva. (s. f.). Posicionamientos y consensos. SEPD.
- [30] Sociedad Española de Patología Digestiva. (2023). Sobrecrecimiento bacteriano intestinal: Documento de posicionamiento. SEPD.
- [31] Sociedad Española de Nutrición Clínica y Metabolismo. (2022). Manual SENPE de Nutrición Clínica y Dietética. Madrid: SENPE.
- [32] Sociedad Española de Nutrición Clínica y Metabolismo. (2023). Guías SENPE de Nutrición Clínica. Madrid: SENPE.

PEDIATRIA, GASTROENTEROLOGIA PEDIÁTRICA E PROBIÓTI-COS

- [33] Szajewska, H., Canani, R. B., Guarino, A., Hojsak, I., Indrio, F., Kolacek, S., Orel, R., Shamir, R., Vandenplas, Y., van Goudoever, J. B., European Society for Paediatric Gastroenterology, Hepatology and Nutrition. (2020). Probiotics for the Management of Pediatric Gastrointestinal Disorders: Position Paper of the ESPGHAN Special Interest Group on Gut Microbiota and Modifications. Journal of Pediatric Gastroenterology and Nutrition, 70(5), 664–680. <https://doi.org/10.1097/MPG.0000000000002654>
- [34] Vandenplas, Y., Huys, G., Daube, G. (2015). Probiotics: An update. Journal of Pediatric Gastroenterology and Nutrition, 61(4), 531–539. <https://doi.org/10.1097/MPG.0000000000000812>

NUTRIÇÃO CLÍNICA, DIETA E MICROBIOTA

- [35] Bischoff, S. C., Escher, J., Hébuterne, X., Kłęk, S., Krznarić, Ž., Schneider, S., Shamir, R., Stadelova, K., Wierdsma, N., Wiskin, A. E., Forbes, A., ESPEN. (2020). ESPEN Practical Guideline: Clinical Nutrition in Inflammatory Bowel Disease. *Clinical Nutrition*, 39(3), 632–653. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2019.11.002>
- [36] Singer, P., Blaser, A. R., Berger, M. M., Alhazzani, W., Calder, P. C., Casaer, M. P., Hiesmayr, M., Mayer, K., Montejó, J. C., Pichard, C., Preiser, J. C., van Zanten, A. R. H., Oczkowski, S., Szczeklik, W., Bischoff, S. C. (2019). ESPEN Guideline on Clinical Nutrition in the Intensive Care Unit. *Clinical Nutrition*, 38(1), 48–79. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2018.08.037>
- [37] Volkert, D., Beck, A. M., Cederholm, T., Cruz-Jentoft, A., Goisser, S., Hooper, L., Kiesswetter, E., Maggio, M., Raynaud-Simon, A., Sieber, C. C., Sobotka, L., van Asselt, D., Wirth, R., Bischoff, S. C. (2019). ESPEN Guideline on Clinical Nutrition and Hydration in Geriatrics. *Clinical Nutrition*, 38(1), 10–47. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2018.05.024>
- [38] David, L. A., Maurice, C. F., Carmody, R. N., Gootenberg, D. B., Button, J. E., Wolfe, B. E., Ling, A. V., Devlin, A. S., Varma, Y., Fischbach, M. A., Biddinger, S. B., Dutton, R. J., Turnbaugh, P. J. (2014). Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*, 505(7484), 559–563. <https://doi.org/10.1038/nature12820>
- [39] Zmora, N., Suez, J., Elinav, E. (2019). You are what you eat: Diet, health and the gut microbiota. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 16(1), 35–56. <https://doi.org/10.1038/s41575-018-0061-2>
- [40] Valdés, L., Cuervo, A., Salazar, N., Ruas-Madiedo, P., Gueimonde, M., González, S. (2015). The relationship between phenolic compounds from diet and microbiota: Impact on human health. *Frontiers in Microbiology*, 6, 1–14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01058>
- [41] Ghosh, T. S., Rampelli, S., Jeffery, I. B., Santoro, A., Neto, M., Capri, M., Giampieri, E., Jennings, A., Candela, M., Turróni, S., Zoetendal, E. G., Hermes, G. D. A., Elodie, M., Brzozowska, A., de Groot, L., Feskens, E. J. M., Kaluza, J., Pietruszka, B., Fairweather-Tait, S., ... O'Toole, P. W. (2020). Mediterranean diet intervention alters the gut microbiome in older people. *Gut*, 69(7), 1218–1228. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2019-319654>

PROBIÓTICOS, PREBIÓTICOS, SIMBIÓTICOS E POSBIÓTICOS

- [42] Hill, C., Guarner, F., Reid, G., Gibson, G. R., Merenstein, D. J., Pot, B., Morelli, L., Canani, R. B., Flint, H. J., Salminen, S., Calder, P. C., Sanders, M. E. (2014). Expert consensus document: The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the scope and appropriate use of probiotics. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 11(8), 506–514. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2014.66>
- [43] Gibson, G. R., Hutkins, R., Sanders, M. E., Prescott, S. L., Reimer, R. A., Salminen, S. J., Scott, K., Stanton, C., Swanson, K. S., Cani, P. D., Verbeke, K., Reid, G. (2017). The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the definition and scope of probiotics. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 14(8), 491–502. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2017.75>
- [44] Swanson, K. S., Gibson, G. R., Hutkins, R., Reimer, R. A., Reid, G., Verbeke, K., Scott, K. P., Holscher, H. D., Azad, M. B., Delzenne, N. M., Sanders, M. E. (2020). The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the definition and scope of synbiotics. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 17(11), 687–701. <https://doi.org/10.1038/s41575-020-0344-2>
- [45] Salminen, S., Collado, M. C., Endo, A., Hill, C., Lebeer, S., Quigley, E. M. M., Sanders, M. E., Shamir, R., Swann, J. R., Szajewska, H., Vinderola, G. (2021). The International Scientific Association of Probiotics and Prebiotics consensus statement on the definition and scope of postbiotics. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 18(9), 649–667. <https://doi.org/10.1038/s41575-021-00440-6>
- [46] Sanders, M. E., Merenstein, D. J., Reid, G., Gibson, G. R., Rastall, R. A. (2019). Probiotics and prebiotics in intestinal health and disease: From biology to the clinic. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 16(10), 605–616. <https://doi.org/10.1038/s41575-019-0173-3>

PERMEABILIDADE INTESTINAL, MUCOSA E BARREIRA EPITELIAL

- [47] Fasano, A. (2012). Intestinal permeability and its regulation by zonulin: Diagnostic and therapeutic implications. *Clinical Gastroenterology and Hepatology*, 10(10), 1096–1100. <https://doi.org/10.1016/j.cgh.2012.08.012>
- [48] Bischoff, S. C., Barbara, G., Buurman, W., Ockhuizen, T., Schulzke, J. D., Serino, M., Tilg, H., Watson, A., Wells, J. M. (2014). Intestinal permeability—A new target for disease prevention and therapy. *BMC Gastroenterology*, 14, 189. <https://doi.org/10.1186/s12876-014-0189-7>
- [49] Camilleri, M. (2019). Leaky gut: Mechanisms, measurement and clinical implications in humans. *Gut*, 68(8), 1516–1526. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2019-318427>
- [50] Turner, J. R. (2009). Intestinal mucosal barrier function in health and disease. *Nature Reviews Immunology*, 9(11), 799–809. <https://doi.org/10.1038/nri2653>

LPS, ENDOTOXEMIA E INFLAMAÇÃO METABÓLICA

- [51] Cani, P. D., Amar, J., Iglesias, M. A., Poggi, M., Knauf, C., Bastelica, D., Neyrinck, A. M., Fava, F., Tuohy, K. M., Chabo, C., Waget, A., Delmée, E., Cousin, B., Sulpice, T., Chamontin, B., Ferrières, J., Tanti, J. F., Gibson, G. R., Casteilla, L., Delzenne, N. M., Alessi, M. C., Burcelin, R. (2007). Metabolic endotoxemia initiates obesity and insulin resistance. *Diabetes*, 56(7), 1761–1772. <https://doi.org/10.2337/db06-1491>
- [52] Cani, P. D. (2018). Human gut microbiome: Hopes, threats and promises. *Gut*, 67(9), 1716–1725. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2018-316723>
- [53] Tilg, H., Zmora, N., Adolph, T. E., Elinav, E. (2020). The intestinal microbiota fuelling metabolic inflammation. *Nature Reviews Immunology*, 20(1), 40–54. <https://doi.org/10.1038/s41577-019-0198-4>

AGCC, BUTIRATO E METABOLITOS MICROBIANOS

- [54] Canani, R. B., Costanzo, M. D., Leone, L., Pedata, M., Meli, R., Calignano, A. (2011). Potential beneficial effects of butyrate in intestinal and extraintestinal diseases. *World Journal of Gastroenterology*, 17(12), 1519–1528. <https://doi.org/10.3748/wjg.v17.i12.1519>
- [55] Louis, P., Flint, H. J. (2017). Formation of propionate and butyrate by the human colonic microbiota. *Environmental Microbiology*, 19(1), 29–41. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13589>
- [56] Silva, Y. P., Bernardi, A., Frozza, R. L. (2020). The role of short-chain fatty acids from gut microbiota in gut-brain communication. *Frontiers in Endocrinology*, 11, 25. <https://doi.org/10.3389/fendo.2020.00025>
- [57] Koh, A., De Vadder, F., Kovatcheva-Datchary, P., Bäckhed, F. (2016). From dietary fiber to host physiology: Short-chain fatty acids as key bacterial metabolites. *Cell*, 165(6), 1332–1345. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.05.041>

HISTAMINA E AMINAS BIOGÉNICAS

- [58] Maintz, L., Novak, N. (2007). Histamine and histamine intolerance. *American Journal of Clinical Nutrition*, 85(5), 1185–1196. <https://doi.org/10.1093/ajcn/85.5.1185>
- [59] Comas-Basté, O., Latorre-Moratalla, M. L., Sánchez-Pérez, S., Veciana-Nogués, M. T., Vidal-Carou, M. C. (2020). Histamine intolerance: The current state of the art. *Biomolecules*, 10(8), 1181. <https://doi.org/10.3390/biom10081181>
- [60] Schink, M., Konturek, P. C., Tietz, E., Dieterich, W., Pinzer, T. C., Wirtz, S., Neurath, M. F., Zopf, Y., Konturek, K. (2018). Microbial patterns in patients with histamine intolerance. *Journal of Physiology and Pharmacology*, 69(4), 579–593. <https://doi.org/10.26402/jpp.2018.4.09>

EIXO INTESTINO-CÉREBRO, PSIQUIATRIA NUTRICIONAL E NEUROINFLAMAÇÃO

- [61] Cryan, J. F., O'Riordan, K. J., Cowan, C. S. M., Sandhu, K. V., Bastiaanssen, T. F. S., Boehme, M., Codagnone, M. G., Cusotto, S., Fulling, C., Golubeva, A. V., Guzzetta, K. E., Jaggar, M., Long-Smith, C. M., Lyte, J. M., Martin, J. A., Molinero-Perez, A., Moloney, G. M., Morelli, E., Morillas, E., O'Connor, R., Cruz-Pereira, J. S., Peterson, V. L., Rea, K., Ritz, N. L., Sherwin, E., Spichak, S., Teichman, E. M., Van de Wouw, M., Ventura-Silva, A. P., Wallace-Fitzsimons, S. E., Hyland, N. P., Dinan, T. G. (2019). The microbiota-gut-brain axis. *Physiological Reviews*, 99(4), 1877–2013. <https://doi.org/10.1152/physrev.00018.2018>
- [62] Mayer, E. A., Knight, R., Mazmanian, S. K., Cryan, J. F., Tillisch, K. (2014). Gut microbes and the brain: Paradigm shift in neuroscience. *Journal of Neuroscience*, 34(46), 15490–15496. <https://doi.org/10.1523/JNEUROSCI.3299-14.2014>
- [63] Sherwin, E., Rea, K., Dinan, T. G., Cryan, J. F. (2016). A gut microbiome feeling about the brain. *Trends in Neurosciences*, 39(11), 665–667. <https://doi.org/10.1016/j.tins.2016.09.001>
- [64] Sarris, J., Logan, A. C., Akbaraly, T. N., Amminger, G. P., Balanzá-Martínez, V., Freeman, M. P., Hibbeln, J., Matsuoka, Y., Mischoulon, D., Mizoue, T., Nanri, A., Nishi, D., Parletta, N., Ramsey, D., Rucklidge, J. J., Sanchez-Villegas, A., Scholey, A., Su, K. P., Jacka, F. N. (2015). Nutritional medicine as mainstream in psychiatry. *The Lancet Psychiatry*, 2(3), 271–274. [https://doi.org/10.1016/S2215-0366\(14\)00051-0](https://doi.org/10.1016/S2215-0366(14)00051-0)

AUTISMO, PHDA E NEURODESENVOLVIMENTO

- [65] Kang, D. W., Adams, J. B., Gregory, A. C., Borody, T., Chittick, L., Fasano, A., Khoruts, A., Geis, E., Maldonado, J., McDonough-Means, S., Pollard, E. L., Roux, S., Sadowsky, M. J., Lipson, K. S., Sullivan, M. B., Caporaso, J. G., Krajmalnik-Brown, R. (2017). Microbiota transfer therapy alters gut ecosystem and improves gastrointestinal and autism symptoms: An open-label study. *Microbiome*, 5(1), 10. <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0225-7>
- [66] Vuong, H. E., Hsiao, E. Y. (2017). Emerging roles for the gut microbiome in autism spectrum disorder. *Biological Psychiatry*, 81(5), 411–423. <https://doi.org/10.1016/j.biopsych.2016.08.024>
- [67] Bundgaard-Nielsen, C., Knudsen, J., Leutscher, P. D. C., Lauritsen, M. B., Nyegaard, M., Hagstrøm, S., Sørensen, S., Brix, S. (2020). Gut microbiota profiles of autism spectrum disorder and attention deficit/hyperactivity disorder. *Gut Microbes*, 11(5), 1170–1187. <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1712585>

ESTROBOLOMA E SAÚDE HORMONAL

- [68] Plottel, C. S., Blaser, M. J. (2011). Microbiome and malignancy. *Cell Host Microbe*, 10(4), 324–335. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2011.10.003>
- [69] Baker, J. M., Al-Nakkash, L., Herbst-Kralovetz, M. M. (2017). Estrogen–gut microbiome axis: Physiological and clinical implications. *Maturitas*, 103, 45–53. <https://doi.org/10.1016/j.maturitas.2017.06.025>
- [70] Kwa, M., Plottel, C. S., Blaser, M. J., Adams, S. (2016). The intestinal microbiome and estrogen receptor-positive breast cancer. *Journal of the National Cancer Institute*, 108(8), djw029. <https://doi.org/10.1093/jnci/djw029>
- [71] Setchell, K. D. R., Brown, N. M., Lydeking-Olsen, E. (2002). The clinical importance of the metabolite equol. *Journal of Nutrition*, 132(12), 3577–3584. <https://doi.org/10.1093/jn/132.12.3577>
- [72] Lampe, J. W. (2009). Is equol the key to the efficacy of soy foods? *American Journal of Clinical Nutrition*, 89(5), 1664S–1667S. <https://doi.org/10.3945/ajcn.2009.26736S>



Contato:

Parque Científico
Universidade de Valência

C/ Agustín Escardino Benlloch, 9
Paterna, Valência

(+34)96 321 77 58
info@overgenes.com

www.overgenes.com