



**SYNLAB**

powered by  
**MICROBA** 

## myBIOME

Analiza funcțională bazată pe dovezi a microbiomului intestinal

## myBIOME NE POATE OFERI INFORMAȚII DESPRE:

**DIVERSITATEA MICROBIANĂ:** Aceasta este determinată de indicele Shannon, o măsură a diversității utilizată de membrii comunității științifice pentru a compara rezultate în timp și reflectă **diversele tipuri și numărul de specii bacteriene** care constituie microbiota intestinală. **Diversitatea microbiană ridicată sau în limite normale este asociată cu o stare bună de sănătate.** O dietă variată bogată în alimente de origine vegetală precum fructe, legume, cereale integrale și nuci poate contribui la creșterea acestei diversități.

**SPECII IMPORTANTE:** Identificarea bacteriilor **potențial benefice sau patogene** cu certitudine științifică.

**POTENȚIALUL DIGESTIV:** Analiza oferă informații despre potențialul de a **digera componente** precum fibrele și proteinele.

**COMPOZIȚIA PROBEI:** Majoritatea ADN-ului din materiile fecale (~99%) provine de la microorganisme, în timp ce doar o mică parte (~1%) este ADN uman. **myBIOME** oferă informații despre procentajul **grupelor majore de microorganisme care trăiesc în intestin** (bacterii, arhee și eucariote (fungi și paraziți)), precum și ADN-ul nou (neidentificabil) și uman conținut în probă. Un procent de peste **4% ADN uman poate fi un marker indirect al inflamației intestinale.**

**METABOLIȚII MICROBIENI:** Genele bacteriene funcționale sunt cuantificate pentru a estima potențialul metabolic de a produce sau consuma metabolici implicați în **dezvoltarea anumitor boli sau metabolici asociați cu efectele benefice asupra sănătății.** Metabolici care pot fi cheia în prevenirea unor astfel de boli (indicatori de sănătate, neuroendocrine, acizi grași cu lanț scurt (SCFA) și vitamine) sunt determinați pe baza genelor funcționale.

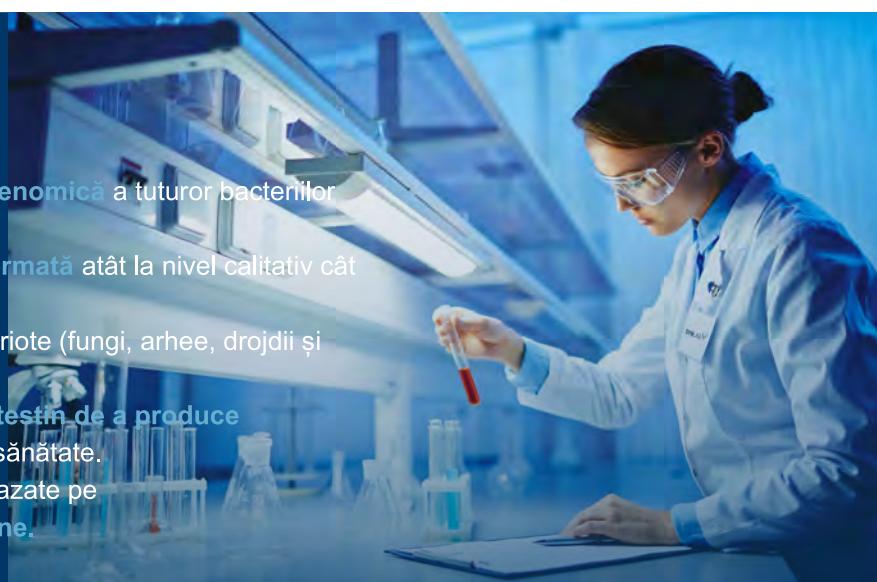
**MICROORGANISMELE EUCARIOTE:** Raportează prezența **fungilor, a arheelor, drojdiilor și paraziților** important pentru sănătate.

**RECOMANDĂRI NUTRIȚIONALE:** Raportul furnizat include **recomandări personalizate referitoare la regimul alimentar** bazate pe rezultatele obținute.

Utilizarea sevențierii metagenomice împreună cu interpretarea rezultatelor cu ajutorul acestei tehnologii de ultimă oră, fac ca **myBIOME să fie testul de referință pentru analiza microbiotei intestinale**, oferind o diferențiere și o caracterizare exhaustivă a microorganismelor care o compun, oferind în plus recomandări nutriționale în vederea atingerii unui echilibru sănătos.

## Puncte cheie

- Singurul test care efectuează o **analiză metagenomică** a tuturor bacteriilor existente în intestin.
- Oferă o **clasificare taxonomică mai bine informată** atât la nivel calitativ cât și cantitativ.
- Este capabil să detecteze bacterii, arhee, eucariote (fungi, arhee, drojdi și paraziți).
- Măsoară potențialul **bacteriilor prezente în intestin de a produce metabolici și vitamine** cu funcții cheie pentru sănătate.
- Oferă recomandări nutriționale personalizate bazate pe **nevoile bacteriene specifice fiecărei persoane.**



# Ce este myBIOME?

myBIOME este un test metagenomic de secvențiere care permite un studiu aprofundat, obiectiv și exigabil al microbiomului intestinal, oferind informații detaliate despre microorganismele care locuiesc intestinul și funcțiile acestora, impactul pe care îl au asupra sănătății și cum se poate obține un echilibru prin recomandări nutriționale personalizate.



## Dovezi științifice

myBIOME efectuează o analiză a microbiomului intestinal prin secvențiere metagenomică. Prin tehnologia NGS (Next-Generation Sequencing) este secvențiat întregul material genetic (ADN) al comunităților microbiene care populează intestinul, permitând astfel studierea genomurilor colective și obținerea de secvențe ale tuturor microorganismelor care formează ecosistemul intestinal.

**CEA MAI AVANSATĂ TEHNOLOGIE  
ÎMPREUNĂ CU RECOMANDĂRILE PERSONALIZATE,  
TRANSFORMĂ myBIOME ÎNTR-UN TEST UNIC PE PIAȚĂ**

## De ce să optez pentru myBIOME?

SECVENȚIERE METAGENOMICĂ myBIOME	SECVENȚĂ 16S rRNA/PCR
Analyzează <b>întreg materialul genetic (DNA)</b> din probă, permitând filtrarea mai sensibilă a microorganismelor care îl constituie.	Selectează și amplifică o porție redusă de ARN ribozomic 16S prezent în bacterii.
Detectează toate speciile cu o abundență relativă <b>mai mare de 0,01%</b> .	<b>16S rRNA:</b> poate detecta foarte puține microorganisme la nivel de specie.
<b>Rezoluție și acoperire ridicată:</b> identificarea taxonomică a tuturor microorganismelor prezente până la nivel de specie.	<b>16S rRNA:</b> identificare taxonomică, la rezoluție slabă, până la nivel de gen. Nu detectează specii/colonii. <b>PCR:</b> rezoluție înaltă însă acoperire limitată prin detectarea organismelor țintă prestabile.
Poate identifica <b>specii noi necunoscute anterior</b> .	Nu detectează specii noi.
Poate detecta <b>bacterii, arhee, fungi și protiste</b> .	<b>16S rRNA:</b> detectează doar bacterii. <b>PCR:</b> poate detecta bacterii, fungi, protiste și virusuri într-o manieră orientată.
Identifică <b>potențialul funcțional</b> al microorganismelor ( <b>în raport cu abundența genelor</b> ).	Nu oferă informații despre <b>funcționalitatea microorganismelor prezente</b> .
Permite definirea unor modele de regim alimentar personalizate pentru a contracara <b>funcțiile microbiene modificate</b> .	Nu permite determinarea funcțiilor microbiene.

# Avantaje

Utilizarea secvențierii metagenomice pentru analiza microbiotei intestinale **oferează un număr de avantaje** față de secvențierea genelor pe bază de ARN ribozomic 16S sau culturi RT-PCR.

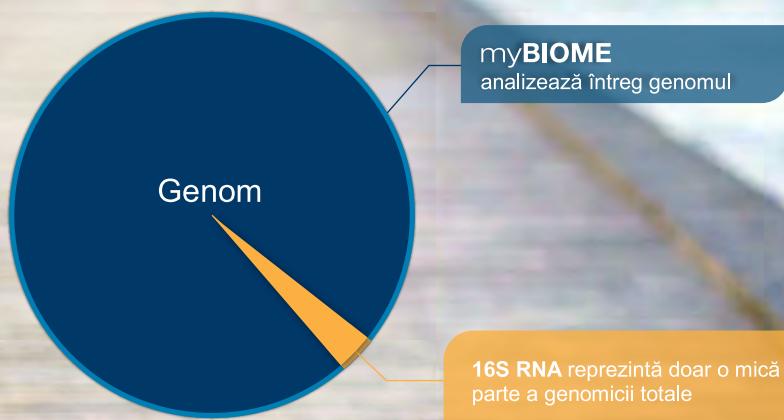
## STRATEGIA METAGENOMICĂ:

Analiza convențională a populațiilor bacteriene prin amplificarea **genei ARN ribozomic 16S** (16S rRNA), se bazează pe amplificarea regiunilor cu primeri care amplifică acest fragment în majoritatea bacteriilor prezente într-o probă. Secvențele genei amplificate sunt apoi comparate și sunt stabilite relațiile filogenetice între organismele detectate. Deși această tehnică a fost rafinată în timp, **nu poate detecta microorganismele care au suferit modificări în punctul de atașare a primerului<sup>(1)</sup> astfel încât aceste bacterii sunt tehnici „invizibile” și nu apar în analiză<sup>(2)</sup>.**

Dincolo de această limitare, gena 16S rRNA reprezintă doar o mică parte a genomului unei bacteii, aspect care face dificilă orice analiză dincolo de clasificarea filogenetică.

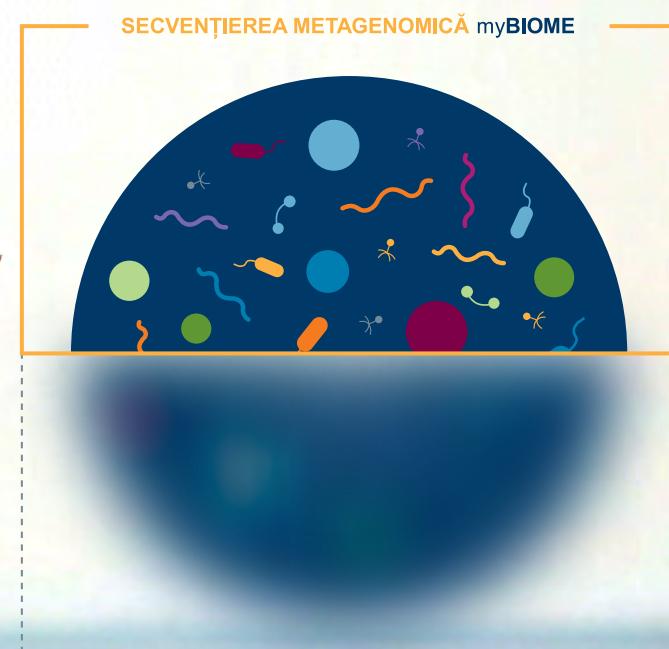
Comparativ cu studiile convenționale ale microbiotei pe bază analizei 16S rRNA, **myBIOME permite detectarea tuturor genelor prezente în microorganismele din probă, prin utilizarea tehnicilor de secvențiere metagenomică**, evitând astfel confuziile de amplificare și permitând o eșantionare completă a tuturor genelor prezente în organisme<sup>(3)</sup>. **Această strategie permite un nivel foarte profund de analiză, oferind nu doar informații despre totalitatea bacteriilor prezente până la nivelul taxonomic al speciei și coloniei**, însă și despre alte microorganisme prezente în probă precum fungi, arhee, drojdii și paraziți.

Pe lângă identificare, metagenomica permite caracterizarea și cuantificarea genelor funcționale, care oferă informații despre funcțiile microorganismelor prezente în probă.

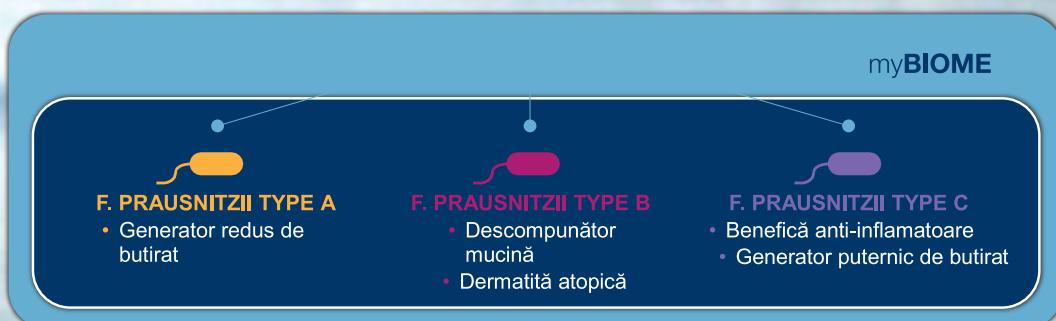


## REZOLUȚIE ÎNALȚĂ:

O altă caracteristică de diferențiere a tehnologiei utilizate în myBIOME este **rezoluția înaltă** comparativ cu analiza convențională a amplificării genei 16S rRNA. Această situație este corelată cu faptul că diverse specii de bacterii pot avea regiuni 16S similare sau chiar identice, ceea ce face ca amplificarea genei 16S să nu poată discrimina între acestea<sup>(4)</sup>. **Această limitare implică pierderea unui volum semnificativ de informații**, având în vedere că specii diferite ale aceluiași gen au funcții foarte diferite<sup>(5)</sup>. Secvențierea masivă a întregului genom folosind myBIOME este în prezent tehnica având cea mai înaltă rezoluție pentru identificarea microorganismelor și detectarea genelor lor funcționale.



Gen ————— Faecalibacterium ————— 16S rRNA



## REFERINȚE

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



#1 EUROPEAN MEDICAL DIAGNOSTICS  
PROVIDER.

PREZENT ÎN 36 DE ȚĂRI  
PE 4 CONTINENTE.



O REȚEA FORMATĂ DIN PESTE  
1,200 EXPERTI MEDICALI.

500 MILIOANE DE TESTE PE AN.



**SYNLAB** 

SYNLAB România

B-dul Tudor Vladimirescu nr. 45  
București, România

[www.synlab.ro](http://www.synlab.ro)