

SYNLAB 



powered by

MICROBA 

myBIOME

Analisi funzionale
“evidence based”
del microbioma intestinale

myBIOME CI PUÒ DARE INFORMAZIONI SU:

DIVERSITÀ MICROBICA:

Questa è determinata attraverso l'indice di Shannon, una misura della diversità utilizzata dai membri della comunità scientifica per confrontare i risultati nel tempo. Quest'ultima riflette i **diversi tipi e il numero di specie batteriche** che compongono il nostro microbiota intestinale. **Una diversità microbica alta o entro i limiti della normalità è associata a una buona salute.** Una dieta varia e ricca di alimenti a base vegetale, come frutta, verdura, cereali integrali e noci può aiutare ad aumentare tale diversità.

SPECIE IMPORTANTI:

Identificazione **precisa di batteri potenzialmente benefici o patogeni.**

POTENZIALE DIGESTIVO:

L'analisi fornisce informazioni sulla capacità di **digerire componenti** come fibre e proteine.

MICROORGANISMI EUCARIOTI:

Segnala la presenza di **funghi, archeobatteri, lieviti e parassiti** importanti per la salute.

RACCOMANDAZIONI NUTRIZIONALI:

Il rapporto fornito include **raccomandazioni dietetiche personalizzate** in base ai risultati ottenuti.

COMPOSIZIONE DEL CAMPIONE:

La maggior parte del DNA presente nelle feci (~99%) proviene da microrganismi, mentre solo una piccola quantità (~1%) è DNA umano. **myBIOME** fornisce informazioni sulla percentuale dei **principali gruppi di microrganismi che vivono nell'intestino** (batteri, archeobatteri ed eucarioti [funghi e parassiti]), così come DNA nuovo (non identificabile) e DNA umano contenuto nel campione. Più del **4% del DNA umano può essere un indicatore indiretto di infiammazione intestinale.**

METABOLITI MICROBICI:

I geni funzionali batterici sono quantificati per fornire il potenziale metabolico per produrre o consumare metaboliti coinvolti nello **sviluppo di alcune malattie o metaboliti associati a effetti benefici sulla salute.** I metaboliti che possono essere fondamentali nella prevenzione di tali malattie (indicatori di salute, neuroendocrini, acidi grassi a catena corta (SCFA) e vitamine) sono determinati sulla base dei geni funzionali.

L'uso del sequenziamento metagenomico, insieme all'interpretazione dei risultati che questa tecnologia all'avanguardia offre, **fa di myBIOME il test di riferimento per l'analisi del microbiota intestinale**, fornendo una differenziazione e caratterizzazione esaustiva dei microrganismi che lo compongono, oltre a fornire raccomandazioni nutrizionali che permettono di raggiungere un sano equilibrio.

Punti chiave

- + L'unico test che esegue un'analisi **metagenomica** di tutti i geni dei batteri presenti nell'intestino .
- + Offre una **migliore classificazione tassonomica** sia a livello qualitativo che quantitativo.
- + È in grado di rilevare batteri, archeobatteri, eucarioti (funghi, archeobatteri, lieviti e parassiti).
- + Misura la capacità dei batteri presenti **nell'intestino di produrre metaboliti e vitamine** con funzioni chiave per la salute.
- + Fornisce raccomandazioni nutrizionali personalizzate basate sulle esigenze **batteriche specifiche di ogni individuo.**



Cos'è myBIOME?

myBIOME è un test di sequenziamento metagenomico che permette uno **studio approfondito, oggettivo e fattibile del microbioma** intestinale, fornendo informazioni dettagliate sui microrganismi che abitano l'intestino e la loro funzionalità, l'impatto che hanno sulla salute e come raggiungere un equilibrio attraverso raccomandazioni nutrizionali personalizzate.

Prove scientifiche

myBIOME esegue un'analisi del microbioma intestinale mediante sequenziamento metagenomico. Attraverso la tecnologia NGS (Next-Generation Sequencing), viene sequenziato l'intero materiale genetico (DNA) delle comunità microbiche che risiedono nell'intestino, **permettendo così di studiare i genomi complessivi e ottenere le sequenze di tutti i microrganismi che compongono l'ecosistema intestinale.**

**LA TECNOLOGIA MAGGIORMENTE AVANZATA
E LE RACCOMANDAZIONI PERSONALIZZATE,
FANNO DI myBIOME UN TEST UNICO SUL MERCATO**

Perché scegliere myBIOME?

SEQUENZIAMENTO METAGENOMICO myBIOME	SEQUENZA 16S rRNA/PCR
Analizza tutto il materiale genetico (DNA) del campione, permettendo un controllo più sensibile dei microrganismi che lo compongono.	Seleziona e amplifica una piccola porzione dell'RNA ribosomiale 16S presente nei batteri.
Rileva tutte le specie con una prevalenza relativa superiore allo 0,01% .	16S rRNA: può rilevare pochissimi microrganismi a livello di specie.
Alta risoluzione e copertura: identificazione tassonomica di tutti i microrganismi presenti fino al livello di specie.	16S rRNA: bassa risoluzione, identificazione tassonomica fino al livello di genere. Non rileva specie/ceppi. PCR: alta risoluzione ma copertura limitata, rilevando organismi bersaglio prestabiliti.
Può identificare nuove specie precedentemente sconosciute.	Non rileva nuove specie.
Può rilevare batteri, archeobatteri, funghi e protisti.	16S rRNA: rileva solo i batteri. PCR: può rilevare batteri, funghi, protisti e virus in modo mirato.
Identifica il potenziale funzionale dei microrganismi (in base alla prevalenza di geni).	Non fornisce informazioni sulla funzionalità dei microrganismi presenti.
Permette la definizione di modelli alimentari personalizzati per contrastare le funzioni microbiche alterate.	Non permette di determinare le funzioni microbiche.

Vantaggi

L'uso del sequenziamento metagenomico per l'analisi del microbiota intestinale **offre una serie di vantaggi** rispetto al sequenziamento basato sul 16S o alle metodologie RT-PCR/coltura.

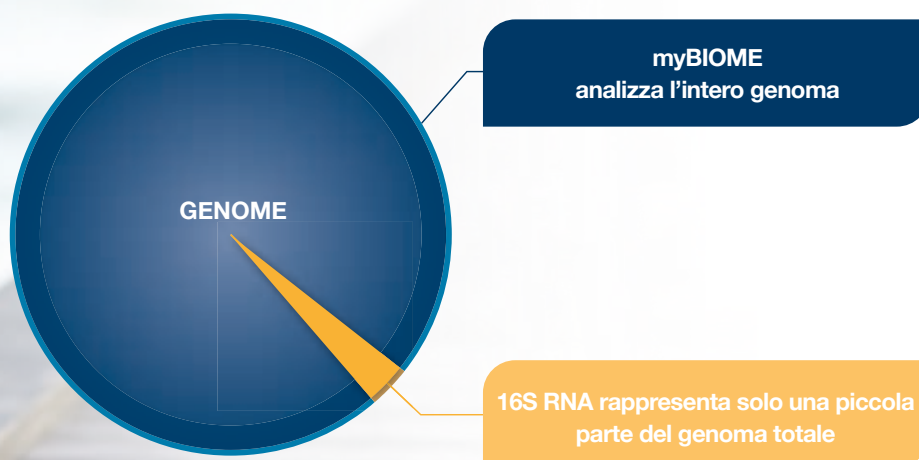
STRATEGIA METAGENOMICA:

L'analisi convenzionale delle popolazioni batteriche mediante amplificazione del **gene ribosomiale 16S RNA** (16S rRNA), si basa sull'amplificazione delle regioni ipervariabili del gene 16S rRNA mediante primer che amplificano questo frammento nella maggior parte dei batteri presenti in un campione. Le sequenze del gene amplificato vengono poi confrontate e si stabiliscono le relazioni filogenetiche tra gli organismi individuati. Anche se questa tecnica è stata ampiamente studiata, **non è in grado di rilevare i microorganismi che hanno subito modifiche nel sito di attacco dei primer⁽¹⁾, per cui questi batteri sono tecnicamente "invisibili" e sfuggono all'analisi⁽²⁾.**

Oltre a questa limitazione, il gene 16S rRNA rappresenta solo una piccola parte dell'intero genoma di un batterio, il che rende difficile qualsiasi tipo di analisi al di là della classificazione filogenetica.

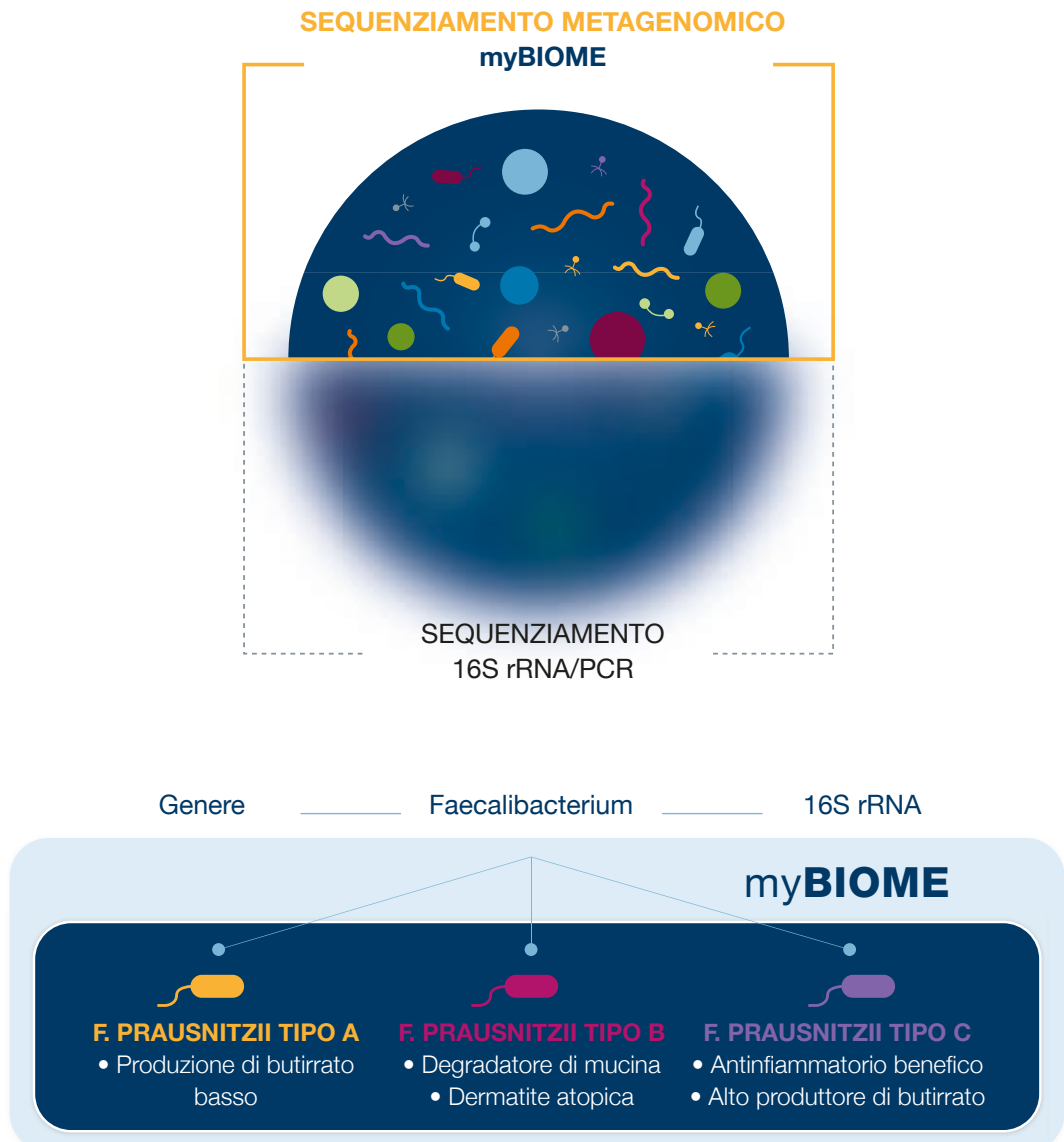
Rispetto agli studi convenzionali del microbiota basati sull'analisi del 16S rRNA, **myBIOME permette di rilevare tutti i geni presenti nei microorganismi del campione grazie all'uso di tecniche di sequenziamento metagenomico**, evitando così i limiti di amplificazione e facilitando un campionamento completo di tutti i geni presenti negli organismi⁽³⁾. **Questa strategia permette una grande profondità di analisi, fornendo non solo informazioni sulla totalità dei batteri presenti fino al livello tassonomico di specie e ceppo**, ma anche su altri microorganismi presenti nel campione come **funghi, archeobatteri, lieviti e parassiti**.

Oltre all'identificazione, la metagenomica permette la caratterizzazione e la quantificazione dei geni funzionali, che fornisce informazioni sulle funzioni dei microorganismi presenti nel campione.



ALTA RISOLUZIONE:

Un'altra caratteristica distintiva della tecnologia utilizzata in **myBIOME** è l'**alta risoluzione** rispetto alle analisi convenzionali di amplificazione del gene 16S rRNA. Questo perché diverse specie batteriche possono avere regioni 16S simili o addirittura identiche, il che rende l'amplificazione del gene 16S incapace di discriminarle⁽⁴⁾. **Questa limitazione implica una perdita significativa di informazioni**, poiché specie diverse dello stesso genere possono avere funzioni molto diverse⁽⁵⁾. La metagenomica è il metodo di sequenziamento del DNA più riproducibile e completo, in cui vengono sequenziati tutti i geni dei microrganismi presenti nel campione. Questo metodo consente di vedere non solo i batteri, ma anche funghi, protisti e archeobatteri, oltre a identificare i microrganismi a livello di specie e rivelare di cosa sono capaci i tuoi microbi. Il sequenziamento massivo dell'intero genoma con **myBIOME** è **attualmente la tecnica con la più alta risoluzione per l'identificazione dei microrganismi e l'individuazione dei loro geni funzionali**.



RIFERIMENTI

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



**#1 EUROPEO
IN DIAGNOSTICA MEDICA.**



**PRESENTE IN 36 PAESI
SU 4 CONTINENTI.**



**UNA RETE CON PIÙ DI
1.200 ESPERTI
MEDICI.**



**500 MILLIONI
DI TEST ALL'ANNO.**

SYNLAB

Un grande network
al servizio della vostra salute

www.synlab.it

Direttore Medico SYNLAB: Prof. Maurizio Ferrari

La presente brochure ha scopo meramente informativo e non costituisce consulto medico. Synlab declina ogni responsabilità in merito all'accuratezza, alla completezza e all'attualità delle informazioni divulgate.