

SYNLAB 

powered by

MICROBA 

my**BIOME**

A bél mikrobiom tudományos
alapú funkcionális elemzése

MIT TUDUNK MEG A BÉL MIKROBIOM MŰKÖDÉSÉRŐL A myBIOME TESZT ÁLTAL?

MIKROBIÁLIS DIVERZITÁS: A tudományos szakirodalomból ismert Shannon-féle diverzitási index a tápcsatorna mikrobiális közösségének változatosságát írja le. Ez az index megmutatja a béltraktusban fellelhető és a mikrobiomot alkotó **baktériumfajok számát és azok eloszlását. Minél magasabb ez a szám, annál nagyobb a páciens mikrobiom diverzitása (változatossága). A mikrobiom sokszínűsége egyúttal az egészség fokmérője is.** Általában elmondható, hogy a változatos növényi alapú élelmiszerekben – pl. gyümölcsökben, zöldségekben, teljes kiőrlésű gabonákban és magvakban – gazdag étrend növeli és pozitívan befolyásolja a mikrobiom diverzitását.

A LEGFONTOSABB FAJOK A MIKROBIOM SZEMPONTJÁBÓL: A szervezet számára **előnyös, illetve káros (patogén) baktérium fajok és törzsek** tudományos módon történő azonosítása.

EMÉSZTŐKÉPESSÉG: A tápcsatorna emésztőképességi potenciálja, azaz milyen hatékonysággal bontja le a különböző táplálék összetevőket, mint például a **rostokat** és a **fehérjéket**.

A MINTA ÖSSZETÉTELE: A székletben található DNS nagy részét a mikroorganizmusok saját örökítőanyaga teszi ki (~99%), és általában csak kis hányada (~1%) emberi DNS. A **myBIOME a bélben élő mikroorganizmusok legfontosabb csoportjainak** (baktériumok, archeák, eukarióták (gombák, egysejtű élősködők) százalékos arányáról, valamint az emberi DNS és még nem azonosított bakteriális eredetű genomok a mintára jellemző százalékos előfordulásáról nyújt információt. Ha az emberi DNS aránya **nagyobb 4%-nál** a mintában, **az közvetett módon valamilyen gyomor-bélrendszeri gyulladást jelezhet.**

MIKROBIÁLIS EREDETŰ ANYAGCSERE TERMÉKEK: A működő baktérium gének mennyiségi meghatározása által a teszt kimutatja **az egyes betegségek kialakulásáért felelőssé tehető anyagcsere termékeket, de mellette az egészségre bizonyítottan jótékony hatással levő metabolitok** (pl. rövid szénláncú zsírsavak és vitaminok) **termelésére vagy hasznosítására való képességét is a mikrobiomnak.** A betegségek megelőzésében kulcsfontosságú anyagcsere termékek (pl. neuroendokrin sejtek által termelt anyagok, rövid szénláncú zsírsavak (pl. vajsav) és vitaminok) meghatározása a funkcionális gének alapján történik.

EUKARIÓTA MIKROORGANIZMUSOK: A teszt kimutatja a páciens egészsége szempontjából fontos **gombákat, archeákat és egysejtű parazitákat** is.

TÁPLÁLKOZÁSI JAVASLATOK: Az eredmények értékeléséhez a lelet **személyre szabott táplálkozási tanácsadással szolgál.**

A myBIOME teszt az egyik legmodernebb technológia a mikrobiom vizsgálatára. Az alkalmazott metagenom szekvenálás és az online lelet együttesen a **myBIOME tesztet a bélrendszer mikrobiom elemzésének referencia módszerévé teszi.** A kapott eredmények alapján a tápcsatorna teljes mikrobiomjának elemzésén túl táplálkozási tanácsadással is szolgál az egészség megőrzése érdekében.

Amit a myBIOME-ről tudni kell

- Az egyetlen vizsgálat az egészségügy területén, amely a bélben megtalálható baktériumok összes génjét meghatározza **metagenom szekvenálással.**
- A mikroorganizmusok **legrészletesebb rendszertani meghatározását** biztosítja.
- Baktériumok, archeabaktériumok és eukarióták (gombák, protiszták, egysejtű paraziták) kimutatására is alkalmas.
- Az egészséges szervezet szempontjából elemzi a bélrendszerben élő baktériumok **kulcsfontosságú metabolit és vitamin termelő képességét.**
- **Személyre szabott táplálkozási tanáccsal szolgál** az egyén meghatározott speciális baktérium igénye szerint.



Mit jelent a myBIOME?

A myBIOME DNS-szekvenáláson alapuló metagenomikai vizsgálat, amely lehetővé teszi a bélrendszer mikrobaközösségének **alapos, tudományos és gyakorlati szempontú vizsgálatát**. Részletes leírást ad a bélrendszert benépesítő mikroorganizmusokról, azok szerepéről és egészségre gyakorolt hatásokról. Ezen túl személyre szabott táplálkozási tanácsadással segíti az egészséges mikrobiom egyensúly kialakítását és fenntartását.

A tudományos bizonyíték

A myBIOME teszt a bélrendszer mikrobiomjának elemzését metagenom DNS-szekvenálással végzi. Az alkalmazott NGS-technológia révén (Next-Generation Sequencing) a bélrendszer teljes mikrobiális állományának genetikai információját (DNS) meghatározzuk. Az eljárás **lehetővé teszi a bélben kimutatott összes mikroorganizmus DNS-szekvenciájának megismerését, valamint a kimutatott mikroorganizmusok és genomjaik egymást befolyásoló komplex hatásának elemzését is.**

A LEGMODERNEBB TECHNOLÓGIA
ÉS A SZEMÉLYRE SZABOTT TÁPLÁLKOZÁSI TANÁCSADÁS
EGYÜTTESEN TESZI A myBIOME TESZTET EGYEDÜLÁLLÓVÁ

Miért válasszuk a myBIOME tesztet?

myBIOME – NGS-alapú GENOM SZEKVENÁLÁS	16S rRNS – PCR-alapú DNS-SZEKVENÁLÁS
A mintában lévő teljes genetikai anyagot (GENOM) elemzi, ezáltal a mikroorganizmusok érzékenyebb és pontosabb meghatározását teszi lehetővé akár baktériumtörzs szintig.	A bakteriális 16S riboszóma RNS csak egy szakaszát elemzi és használja a meghatározáshoz, ezáltal szűkebb azonosítási szintet tesz lehetővé.
Minden fajt kimutat, melynek menyiségi aránya több mint 0,01% a székletben.	16S rRNS: faj szinten kevés mikroorganizmust tud kimutatni.
Nagy felbontás és lefedettség: a mikrobák meghatározása és taxonómiai beazonosítása minimum faj szintig.	16S rRNS: alacsony felbontás és korlátozott lefedettség. Taxonómiai azonosítás többnyire csak genus szintig lehetséges. Fajok és törzsek azonosítása nem lehetséges. Korlátozott lefedettséget biztosít és csak célzott fajok esetében.
Korábban nem ismert, új fajok azonosítására is képes.	16S rRNS: Új fajok kimutatására nem alkalmas.
Baktériumok, archeák, gombák és protiszták kimutatására is alkalmas.	16S rRNS: csak baktériumok kimutatására alkalmas. PCR: baktériumok, gombák, paraziták és vírusok kimutatására is alkalmas, de csak célzott módon.
Felfedi a mikroorganizmusok működési potenciálját a kimutatott gének eloszlása alapján.	Nem ad információt a kimutatott mikroorganizmusok működéséről és hatásáról.
Személyre szabott táplálkozási stratégiát és javaslatot tesz lehetővé, miáltal a mikrobiom összetétele pozitív irányba befolyásolható.	Nem teszi lehetővé a bélflóra mikrobiális működésének megismerését és annak befolyásolását táplálkozás által.

myBIOME előnyök

A metagenom szekvenálás alkalmazása a mikrobiom elemzése során **számos előnnyel bír** a 16S rRNS génszekvenáláshoz vagy a RT-PCR/sejttenyésztés alapú technikákhoz képest.

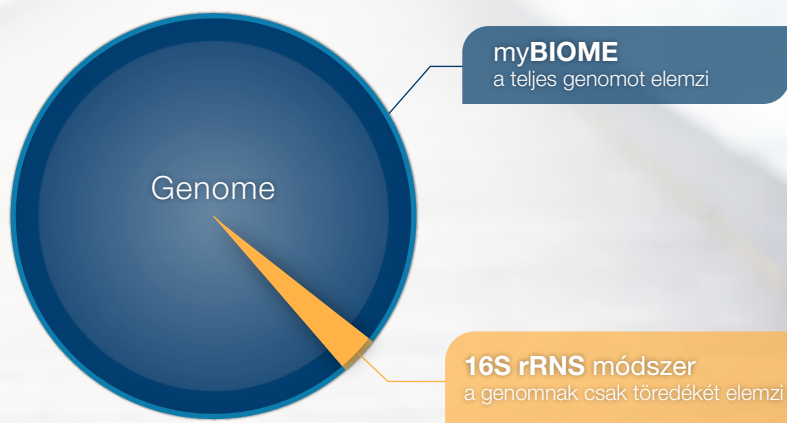
METAGENOM DNS-SZEKVENÁLÁSI STRATÉGIA

A baktérium közösségek hagyományos DNS-vizsgálata során a **16S riboszómális RNS gén** (16S rRNS) ún. hipervariábilis régióit sokszorozítják fel PCR-amplifikációval. Ehhez olyan célszekvenciát és azzal komplementer oligonukleotidokat alkalmaznak, melyek a mintában lévő baktériumok túlnyomó többségében a célgén meghatározott szakaszát felsokszorozni (amplifikálni) képes. A felsokszorozott génszekvenciákat összehasonlítják és megállapítják a kimutatott szekvenciák közötti rokonsági kapcsolatokat. Mára ez a technika már sokat finomodott, de **a módszerből kifolyólag nem alkalmas számos mikroorganizmus kimutatására faji szinten a vizsgált génszekvenciák variabilitása miatt ⁽¹⁾. Emiatt a „kieső” baktériumok gyakorlatilag „láthatatlanok” maradnak az elemző számára ⁽²⁾.**

A 16S rRNS módszernek nem ez az egyetlen korlátja: a vizsgált gén ugyanis csak egy kis részét teszi ki a bakteriális genomnak, ami nem teszi lehetővé a rendszertani és leszármazásbeli viszonyok megállapításán túl a működésbeli elemzését a mikrobiomnak.

A myBIOME teszt ezzel szemben **az alkalmazott metagenom szekvenálási módszernek köszönhetően a széletmintában megtalálható összes mikroorganizmus beazonosítását lehetővé teszi**. A módszer jellegéből fakadólag elkerüljük a felsokszorozásból eredő technikai hibákat, egyúttal elősegítjük a kimutatott mikrobiális szervezetek összes génjének meghatározását ⁽³⁾. **Ez a stratégia lényegesen mélyrehatóbb elemzést tesz lehetővé, nem csak a bélflóra baktérium kompozíciójáról ad áttekintést faji szinten**, hanem a mintában levő nem bakteriális eredetű egyéb mikroorganizmusokról is, mint pl. az **archebaktériumok, gombák, egysejtű élősködők** stb.

Az alkalmazott metagenomi módszer a mikrobák azonosítása mellett a mikroorganizmusok funkcionális génjeinek jellemzésére és mennyiségi meghatározására is alkalmas, ami információt nyújt a mintában található baktériumok és egyéb mikrobák működéséről és szerepéről a szervezet egészsége szempontjából.

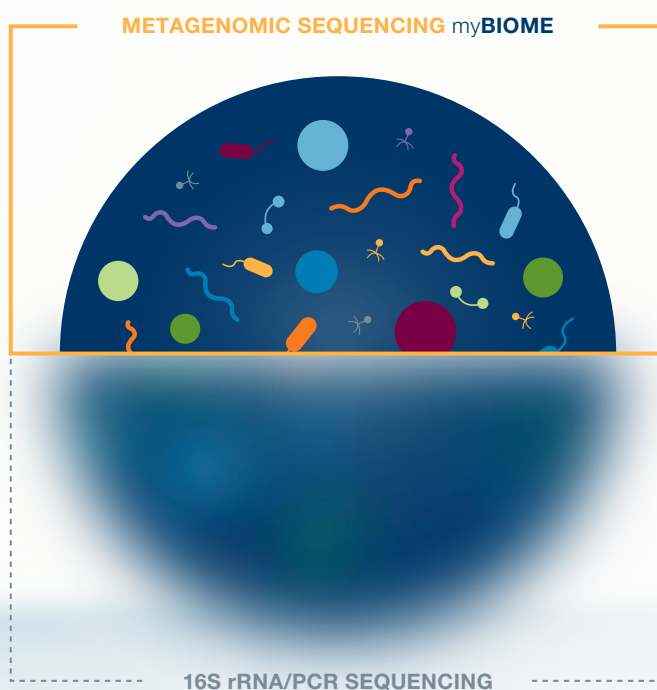


MIT JELENT A myBIOME NAGY FELBONTÁSA?

További fontos előnye a myBIOME „shot-gun” alapú genom szekvenálásnak a hagyományos 16S rRNS génamplifikálási módszerhez hasonlítva a kapott **eredmények nagy felbontása**.

Ezt egy példával tudjuk szemléltetni. A különböző baktériumfajok nagyon hasonló vagy akár teljesen megegyező DNS-szekvenciával rendelkezhetnek a 16S rRNS génen, ezért ez a szekvenálási módszer az ilyen fajokat nem tudja egymástól megkülönböztetni ⁽⁴⁾. A 16S rRNS technika tehát **jelentős információvesztéséget** hordoz magában, mivel a közel rokon, de mégis különböző baktérium fajoknak teljesen más funkciójuk és működésük lehet ⁽⁵⁾.

A bél mikrobiom genom tömegszekvenálása myBIOME módszerrel **jelenleg a legnagyobb felbontású technika a mikroorganizmusok azonosítására, és ezen kívül alkalmas funkcionális génjeik meghatározására és működésük leírására**.



Genus ————— Faecalibacterium ————— 16S rRNA



Példa ugyanazon fajba, de különböző típusba tartozó baktériumok működésére melyet a myBIOME meg tud különböztetni egymástól.

SZAKIRODALOM

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



EURÓPA VEZETŐ LABORATÓRIUMI
DIAGNOSZTIKAI SZOLGÁLTATÓJA

JELENLÉT 36 ORSZÁGBAN
4 KONTINENSEN



TÖBB MINT 1200 ORVOSSZAKÉRTŐBŐL
ÁLLÓ HÁLÓZAT

500 MILLIÓ VIZSGÁLAT ÉVENTE



SYNLAB

SYNLAB Hungary Kft.
1211 Budapest, Weiss Manfréd út 5-7.

www.synlab.hu