

myBIOME ANALÝZA, CO NÁM ŘEKNE?

MIKROBIÁLNÍ DIVERZITA: Je charakterizována pomocí Shannonova indexu, což je míra diverzity používaná členy vědecké komunity k porovnání výsledků v čase a odráží **různé typy a počet bakteriálních druhů** tvořících střevní mikrobiotu. **Vysoká mikrobiální diverzita je spojována s dobrým zdravím.** Pestrá strava bohatá na potraviny rostlinného původu, jako jsou ovoce, zelenina, celozrnné výrobky a ořechy, může přispívat ke zvýšení této diverzity.

VÝZNAMNÉ DRUHY: Identifikace **potenciálně prospěšných nebo patogenních bakterií** na vědeckém základě.

TRÁVICÍ POTENCIÁL: Analýza poskytuje informace o schopnosti **trávit různé složky potravy**, jako jsou vláknina a bílkoviny.

SLOŽENÍ VZORKU: Většina DNA ve vzorku stolice (cca 99 %) pochází z mikroorganismů, zatímco jen malé množství (cca 1 %) je lidská DNA. myBIOME poskytuje informace o procentuálním zastoupení **hlavních skupin mikroorganismů osídlujících střevo** – bakterie, archaea a eukaryota (houby, kvasinky a paraziti), o přítomnosti nové (dosud neidentifikované) DNA a lidské DNA obsažené ve vzorku. Procento lidské DNA vyšší než **4 % může být nepřímým markerem střevního zánětu.**

MIKROBIÁLNÍ METABOLITY: Bakteriální funkční geny jsou kvantifikovány s cílem stanovit metabolický potenciál k tvorbě nebo spotřebě metabolitů podílejících se **na vzniku určitých onemocnění nebo metabolitů spojených s prospěšnými účinky na lidské zdraví.** Na základě funkčních genů jsou určeny metabolity, které mohou hrát klíčovou roli v prevenci těchto onemocnění (zdravotní ukazatele, neuroendokrinní ukazatele, mastné kyseliny s krátkým řetězcem (SCFA) a vitaminy).

EUKARYOTICKÉ MIKROORGANISMY: Informuje o přítomnosti **hub, kvasinek a parazitů** důležitých pro lidské zdraví.

NUTRIČNÍ DOPORUČENÍ: Report obsahuje **personalizovaná dietetická doporučení** založená na získaných výsledcích.

Využití metagenomického sekvenování spolu s interpretací výsledků, které tato nejmodernější technologie nabízí, **činí myBIOME referenčním testem pro analýzu střevní mikrobioty** a umožňuje vyčerpávající diferenciaci a charakterizaci mikroorganismů tvořících mikrobiotu. Navíc poskytuje výživová doporučení, která pomáhají dosáhnout zdravé rovnováhy.

Klíčové body

- Jediný test, který provádí **metagenomickou analýzu** celého genomu bakterií žijících ve střevech.
- Nabízí **lépe informovanou taxonomickou klasifikaci** jak na kvalitativní, tak i na kvantitativní úrovni.
- Je schopen detekovat bakterie, archaea, eukaryota (houby, kvasinky a parazity).
- Identifikuje novou (dosud neznámou) DNA a lidskou DNA.
- Hodnotí potenciální schopnost **bakterií přítomných ve střevě produkovat metabolity a vitaminy**, které mají klíčový význam pro lidské zdraví.
- Poskytuje personalizovaná stravovací doporučení na základě specifických **bakteriálních potřeb každého jednotlivce.**

REFERENCE

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



LÍDR V OBLASTI
LABORATORNÍ DIAGNOSTIKY
V ČESKÉ REPUBLICE

**12 LABORATOŘÍ
A 80+ PRACOVÍŠŤ
PRO ODBĚR KRVÉ**



**900+ ZAMĚSTNANCŮ
VČETNĚ VÍCE NEŽ
40 LÉKAŘSKÝCH EXPERTŮ**

PORTFOLIO ZAHRNUTÍ
VÍCE NEŽ 2 000 TESTŮ



18,5 MILIONU LABORATORNÍCH
ANALÝZ ROČNĚ

1 MIL.+ SPOKOJENÝCH
PACIENTŮ



SYNLAB

synlab czech s.r.o.
Sokolovská 100/94
185 00 Praha 8-Karlín
Česká republika

KONTAKT
800 800 234
zakaznicke.centrum@synlab.com

@synlabczech synlabczechs.r.o.

www.synlab.cz

Více informací na
mybiome.health/cz



SYNLAB

powered by
MICROBA



myBIOME

Funkční analýza
střevního mikrobiomu
založená na důkazech

Co je myBIOME?

myBIOME je metagenomická sekvenační analýza, která poskytuje **hloubkovou, objektivní a dobře využitelnou studii střevního mikrobiomu**. Nabízí podrobné informace o mikroorganismech obývajících střevo, jejich funkcích a vlivu na zdraví. Prostřednictvím personalizovaných výživových doporučení také pomáhá dosáhnout vyváženého stavu.

Vědecké důkazy

myBIOME provádí analýzu střevního mikrobiomu pomocí metagenomického sekvenování. Pomocí technologie NGS (Next-Generation Sequencing) je sekvenován veškerý genetický materiál (DNA) mikrobiálních společenstev, která sídlí ve střevě, **což umožňuje studovat kolektivní genomy a získávat sekvence všech mikroorganismů, které tvoří střevní ekosystém**.

NEJPOKROČILEJŠÍ TECHNOLOGIE SPOLU
S PERSONALIZOVANÝMI DOPORUČENÍMI ČINÍ myBIOME
JEDINEČNÝM TESTEM NA TRHU

Proč zvolit myBIOME?

METAGENOMICKÉ SEKVENOVÁNÍ myBIOME	16S rRNA/PCR SEKVENCE
Analyzuje veškerý genetický materiál (DNA) přítomný ve vzorku, což umožňuje citlivější analýzu mikroorganismů tvořících mikrobiom.	Selektuje a amplifikuje malou část 16S ribozomální RNA přítomné v bakteriích.
Detekuje všechny druhy s relativní četností vyšší než 0,01 % .	16S rRNA: dokáže detekovat velmi málo mikroorganismů na druhové úrovni.
Vysoké rozlišení a pokrytí: taxonomická identifikace všech přítomných mikroorganismů až na úroveň druhu.	16S rRNA: nízké rozlišení, taxonomická identifikace na úrovni rodu. Nedetekuje druhy/druhové kmeny (strains). PCR: vysoké rozlišení, ale omezené pokrytí z důvodu detekce předem stanovených cílových organismů.
Dokáže identifikovat nové, dosud neznámé druhy .	Nedetekuje nové druhy.
Detekuje bakterie, archaea, houby a protisty .	16S rRNA: detekuje pouze bakterie. PCR: dokáže cíleně detekovat bakterie, houby, protisty a viry.
Identifikuje funkční potenciál mikroorganismů (podle genové abundance) .	Neposkytuje informace o funkčnosti přítomných mikroorganismů .
Umožňuje sestavit personalizovaná výživová doporučení k obnovení rovnováhy mikrobiálních funkcí .	Neumožňuje určit mikrobiální funkce.

Výhody

Použití metagenomického sekvenování pro analýzu střevní mikrobioty nabízí řadu výhod oproti metodám, které jsou založeny na sekvenování genu 16S nebo RT-PCR, případně kultivaci.

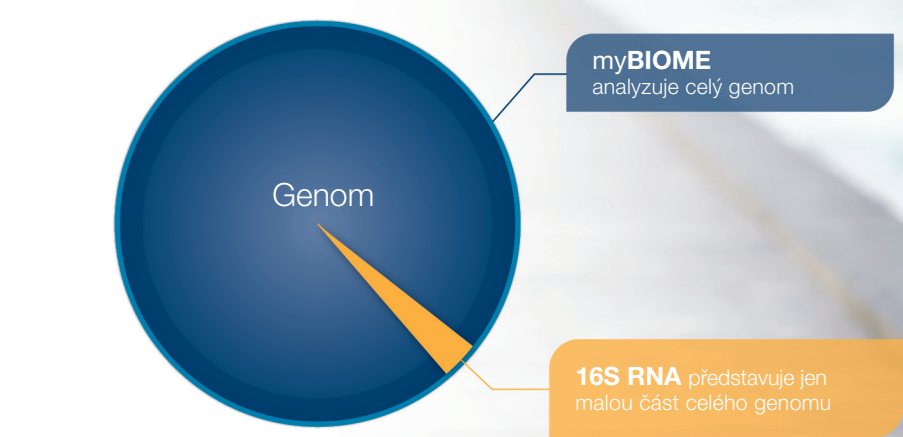
STRATEGIE METAGENOMICKÉHO TESTOVÁNÍ:

Konvenční analýza bakteriálních populací pomocí amplifikace **genu pro ribozomální 16S RNA** (16S rRNA) je založena na amplifikaci hypervariabilních oblastí genu 16S rRNA pomocí primerů, které tento fragment amplifikují u většiny bakterií přítomných ve vzorku. Sekvence amplifikovaného genu jsou následně porovnány a jsou stanoveny fylogenetické vztahy mezi detekovanými organismy. I když byla tato metoda značně zdokonalena, **nedokáže detekovat mikroorganismy, které prošly změnami v místě připojení primerů⁽¹⁾, a tudíž jsou tyto bakterie technicky „neviditelné“ a unikají analýze⁽²⁾**.

Kromě tohoto omezení představuje gen 16S rRNA pouze malou část celého bakteriálního genomu, což znesnadňuje jakýkoliv druh analýzy nad rámec fylogenetické klasifikace.

V porovnání s konvenčními testy mikrobioty založenými na analýze 16S rRNA **myBIOME umožňuje detekci všech genů přítomných v mikroorganismech ze vzorku, a to díky použití technologie metagenomického sekvenování**, která zabírá zkrácení amplifikace a usnadňuje kompletní charakterizaci vzorků všech genů přítomných v organismech⁽³⁾. **Tato strategie umožňuje provádět analýzy do značné hloubky a získá nejen informace o celkovém počtu přítomných bakterií až po taxonomickou úroveň druhů a jejich kmenů (strains)**, ale také o dalších mikroorganismech přítomných ve vzorku, jako např. **houby, archaea, kvasinky a parazité**.

Metagenomika umožňuje kromě identifikace také charakterizaci a kvantifikaci genů, což poskytuje informace o funkcích mikroorganismů přítomných ve vzorku.



VYSOKÉ ROZLIŠENÍ:

Dalším rozlišovacím znakem technologie použité v analýze **myBIOME** je **vysoké rozlišení** ve srovnání s konvenční analýzou amplifikace genu 16S rRNA. Důvodem je, že různé bakteriální druhy mohou mít podobné nebo dokonce identické oblasti 16S, což znemožňuje jejich rozlišení prostřednictvím amplifikace genu 16S⁽⁴⁾. **Toto omezení představuje významnou ztrátu informací**, protože různé druhy stejného rodu mohou mít značně odlišné funkce⁽⁵⁾. Masivní sekvenování celého genomu pomocí technologie **myBIOME je v současnosti považováno za metodu s nejvyšším rozlišením pro identifikaci mikroorganismů a detekci jejich funkčních genů**.

