



ESTUDO DO MICROBIOMA HUMANO: EVIDÊNCIAS DE DISBIOSE EM BASES DE DADOS INTEGRADAS

Guilherme Vismeck Costa Stabel

Ana Beatriz Veloso Henriques

Aymee Gonçalves Ferreira de Souza

Rayana Arianne Pereira Maciel

Resumo

O microbioma humano, um ecossistema complexo de microrganismos, é fundamental para a manutenção da saúde, atuando na digestão, síntese de metabólitos e modulação imunológica. Alterações em sua homeostase, conhecidas como disbiose, têm sido associadas a diversas patologias, como doenças inflamatórias intestinais, obesidade e transtornos neurológicos. A elevada variabilidade interindividual, influenciada por dieta, genética e ambiente, torna essencial a realização de estudos comparativos em larga escala para identificar padrões microbianos consistentes e reprodutíveis. Este estudo justifica-se pela necessidade de integrar dados diversos e heterogêneos, a fim de superar limitações de cortes únicas e estabelecer associações robustas entre composição microbiana e estados de saúde e doença. O objetivo principal foi investigar a relação entre a composição do microbioma humano e a saúde do hospedeiro, por meio de análises comparativas de dados secundários de repositórios internacionais, com foco na identificação de assinaturas de disbiose. A pesquisa adotou delineamento observacional, descritivo e comparativo, utilizando dados do *Inflammatory Bowel Disease Multi-omics Database (IBDMDB)*, *Human Gut Microbiome Atlas* e *American Gut Project*. As análises foram conduzidas em ambiente Python, com aplicação de normalização por abundância relativa, cálculo de diversidade alfa e beta, testes de abundância diferencial e construção de redes de co-ocorrência microbiana. Como resultados, observou-se que grupos com condições inflamatórias e metabólicas exibiram redução significativa na diversidade alfa e agrupamentos distintos na diversidade beta, confirmados por PERMANOVA. Foram identificados táxons diferencialmente abundantes, como a diminuição de *Faecalibacterium prausnitzii* e o aumento de *Escherichia/Shigella* em condições de disbiose, consistentes entre os repositórios analisados. As redes de co-ocorrência revelaram alterações na estrutura ecológica, com redução de interações e perda de espécies centrais em perfis de desequilíbrio. Conclui-se que a integração de múltiplas bases de dados permitiu identificar padrões microbianos robustos e reprodutíveis associados a estados patológicos, validando a disbiose como um fenômeno transcultural e técnico. Tais achados reforçam o potencial do microbioma como alvo para biomarcadores e estratégias terapêuticas personalizadas, além de destacar a viabilidade de abordagens baseadas em dados secundários para gerar hipóteses translacionais. O estudo contribui, ainda, com pipelines analíticos reprodutíveis e uma base comparativa ampliada para futuras investigações.

Palavras-chave: Microbioma humano; Microbiota; Disbiose; Bioinformática; Análise composicional.