

Informe de Análisis

Informe **38217751**v2

Cliente **DEMOSTRACION**

Referencia Cliente # DEMO


teletest
Lab Analysis

Tel 932.123.345

Nombre Muestra #

DEMOSTRACION DISBIOSIS PLUS

DEMO

Sexo:MUJER

Número Muestra **38217751**

Fecha Recepción: 01/06/2021 09:07

Fecha Validación y Emisión Informe

08/06/2021 14:20 Centro Demostración

Disbiosis Intestinal



DEMOSTRACION DISBIOSIS PLUS

Informe **38217751**

Fecha **01-06-2021**

Guía Orientativa para la Interpretación Resultados

Información General

Nuestro organismo ha evolucionado hasta crear hábitats específicos en diferentes partes del cuerpo con un sistema único de microorganismos. El conjunto de estos microorganismos comensales, simbióticos y/o patógenos que forman parte de nuestro sistema se denomina Microbioma. La mayor cantidad de microorganismos se localiza en el intestino, la piel y la cavidad oral. El Microbioma se encarga de enriquecer nuestro organismo con glicanos, aminoácidos, xenobióticos, vitaminas, isoprenoides y otros nutrientes que ayudan al desarrollo de un buen estado de salud. Además, se caracteriza por evolucionar con el paso de los años y con los cambios en la dieta.

La Disbiosis Intestinal se define como una alteración del balance del Microbioma Intestinal. Los microorganismos que conforman el intestino tienen muchas funciones tanto metabólicas (producción de vitaminas, diferenciación de las células intestinales, digestión de metabolitos carcinogénicos, fermentación de sustratos no digeribles, producción de SCFA...) como protectoras (resistencia a la colonización, intervención en la inmunidad adaptada e innata, generación de citoquinas inflamatorias) y/o estructurales (producción de IgA, micro-vellosidades intestinales y la mucosa).

Nuestro equipo de I+D ha desarrollado un estudio de la Disbiosis Intestinal, con un grupo de técnicas de Biología Molecular que valoran la composición del Microbioma, Técnicas Instrumentales para la valoración de los SCFA por cromatografía de gases y metales por ICP-MS y el departamento de Inmunoensayo los marcadores intestinales. El test de la Disbiosis Intestinal es de gran interés para mejorar el tratamiento de las enfermedades relacionadas directa o indirectamente con el aparato digestivo. Se relaciona tanto con la obesidad, la diabetes o las enfermedades inflamatorias intestinales (Crohn o Colitis Ulcerosa). Las causas son muy variables desde el estrés, el sobre-crecimiento bacteriano en el intestino delgado (SIBO), la intolerancia a azúcares, la fermentación con producción de hidrógeno o metano...

Informe de Análisis

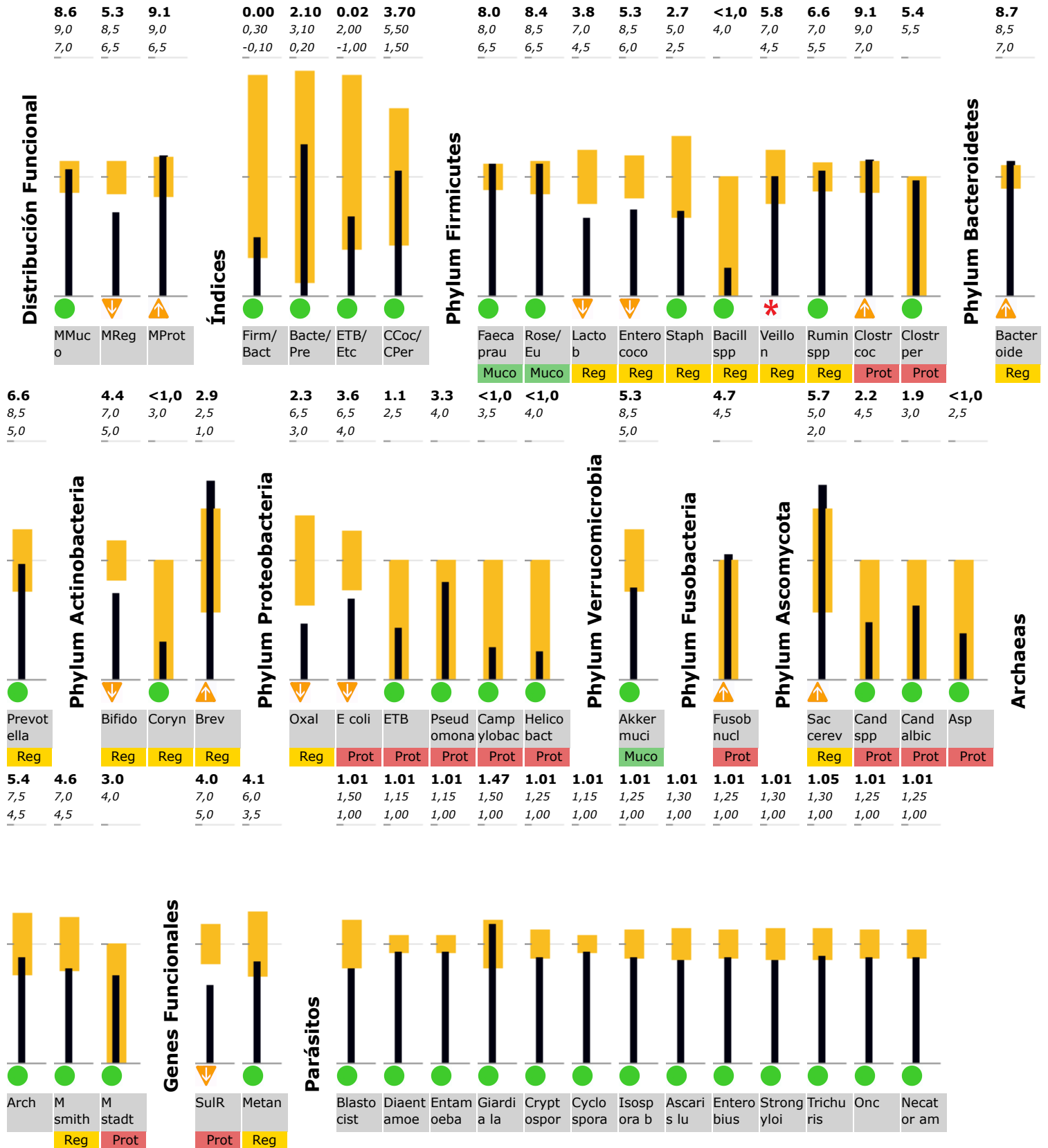
Informe **38217751**v2

Cliente **DEMOSTRACION**

Referencia Cliente # DEMO



Tel 932.123.345



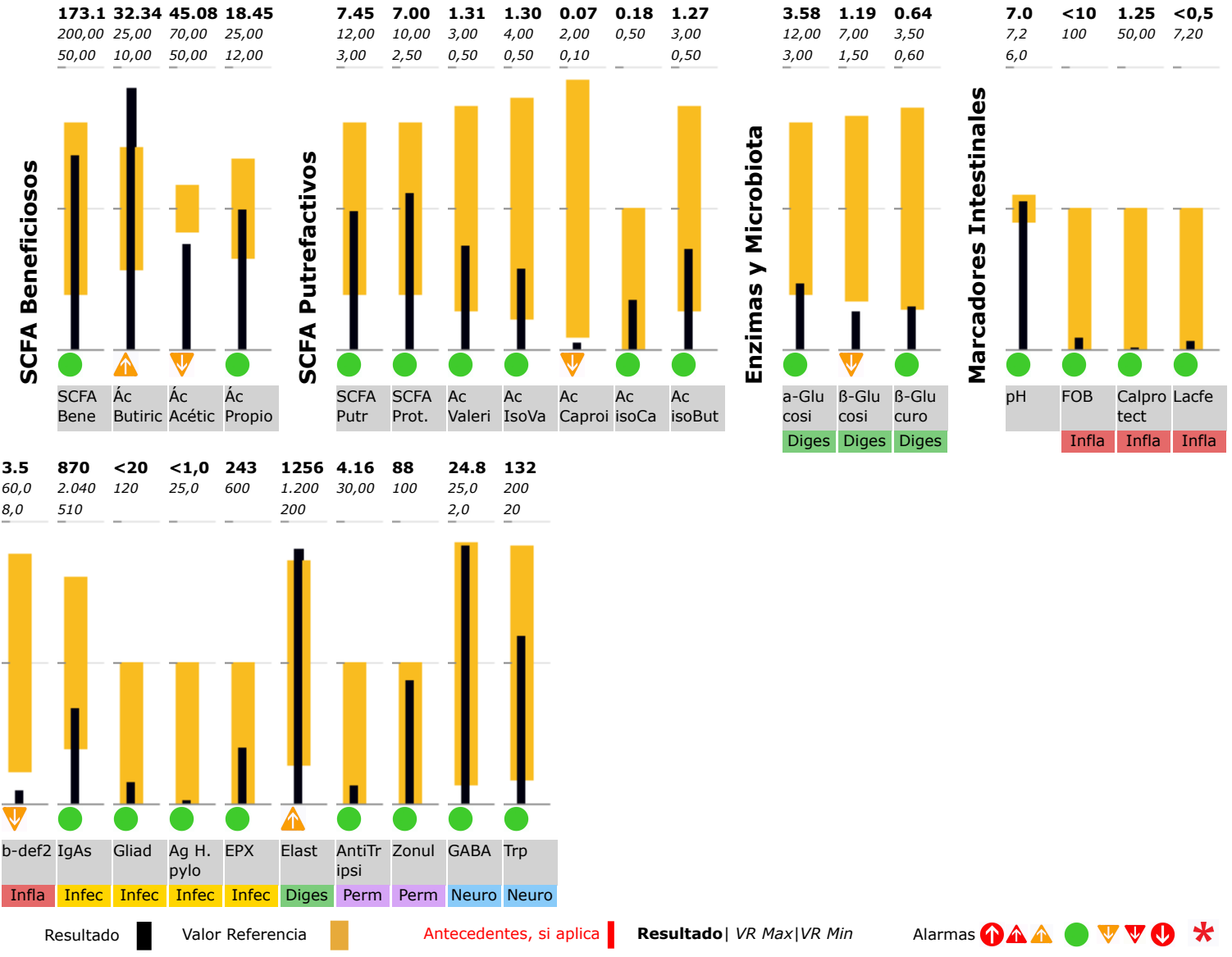
Informe de Análisis

Informe **38217751**v2

Cliente **DEMOSTRACION**

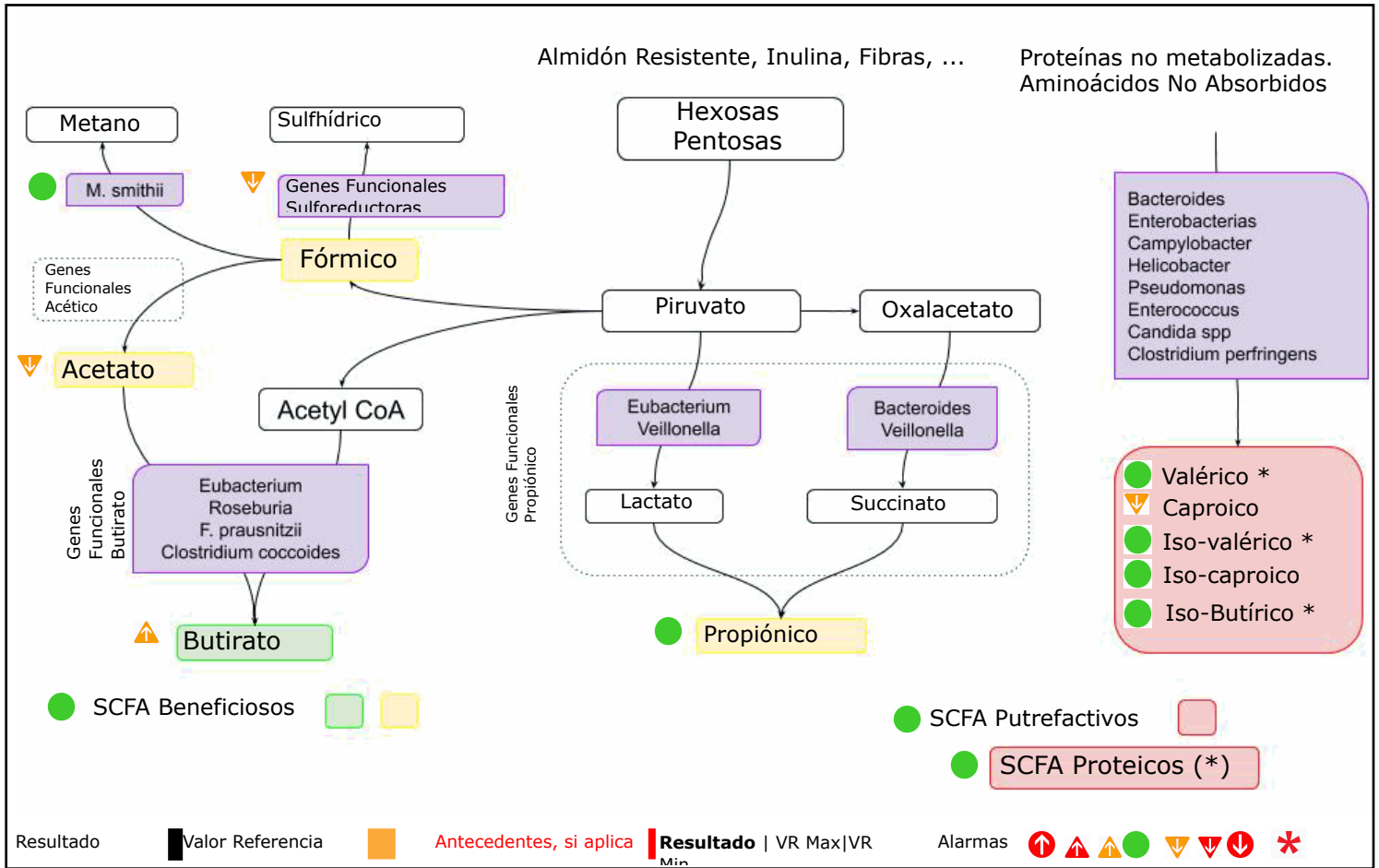
Referencia Cliente # DEMO

Tel 932.123.345



Informe de Análisis

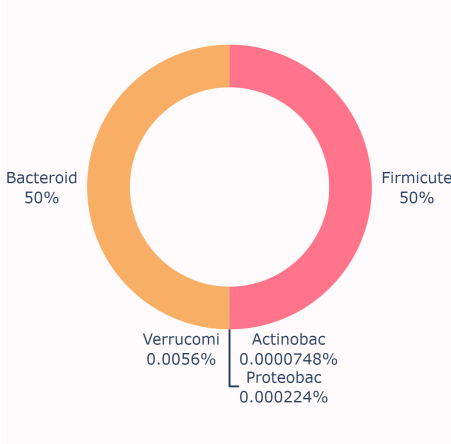
Informe **38217751**v2
 Cliente **DEMOSTRACION**
 Referencia Cliente # DEMO



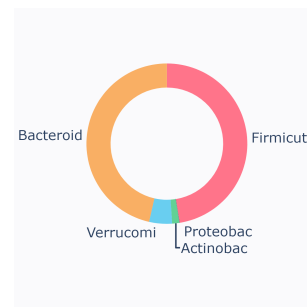
Estudio básico

Color	Marrón oscuro	●
Consistencia	Blanda	●
	4 Escala de Bristol	

Distribución Filogenética



Guía Referencia



Phylum Firmicutes <i>Método PCR</i>	9,67 log u.f.g./g	(VR:8,50/10,00log u.f.g./g)	●	▬
Phylum Bacteroidetes <i>Método PCR</i>	9,67 log u.f.g./g	(VR:8,00/10,00log u.f.g./g)	●	▬

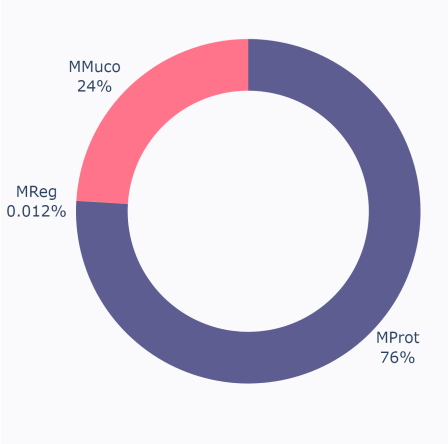
Informe de Análisis

Informe **38217751**v2
 Cliente **DEMOSTRACION**
 Referencia Cliente # DEMO

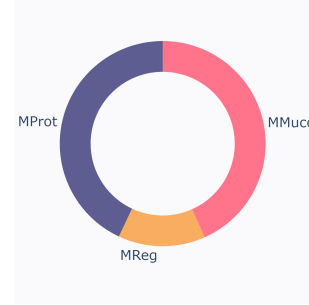
Tel 932.123.345

Phylum Actinobacteria <i>Método PCR</i>	3,89 log u.f.g./g	(VR:5,50/8,50log u.f.g./g)	▼	
Phylum Proteobacteria <i>Método PCR</i>	4,34 log u.f.g./g	(VR:3,00/7,00log u.f.g./g)	●	
Phylum Verrucomicrobia <i>Método PCR</i>	5,72 log u.f.g./g	(VR:5,50/9,00log u.f.g./g)	●	

Distribución Funcional



Guía Referencia



Microbiota Muconutritiva [MMuco]	8,6 log u.f.g./g	(VR:7,0/9,0log u.f.g./g)	●	
- Akkermansia muciniphila	5.3 log u.f.g./g			
Microbiota Reguladora [MReg]	5,3 log u.f.g./g	(VR:6,5/8,5log u.f.g./g)	▼	
- Lactobacillus spp	3.8 log u.f.g./g			
Microbiota Proteolítica [MProt]	9,1 log u.f.g./g	(VR:6,5/9,0log u.f.g./g)	▲	
- E. coli	3.6 log u.f.g./g			
Enterotipo				

Las especies predominantes del ENTEROTIPO 1 son Bacteroides y se caracteriza por:
 - Una mayor producción de biotina por parte de la microbiota.
 - Una fermentación preferente por los hidratos de carbono y las proteínas.

Índices

Firmicutes/Bacteroidetes [Firm/ Bacter]	0,00 Ratio	(VR:-0,10/0,30Ratio)	●	
Bacteroides/Prevotella [Bacte/ Prevot]	2,10 Ratio	(VR:0,20/3,10Ratio)	●	
Enterobacterias / Enterococcus [ETB/ Etc]	0,02 Ratio	(VR:-1,00/2,00Ratio)	●	
Clostridium Coccoides/C perfringens [CCoc/ CPerf]	3,70 Ratio	(VR:1,50/5,50Ratio)	●	

Phylum Firmicutes

Faecalibacterium prausnitzii [Faeca praus] <i>Microbiota Muconutritiva</i>	8,0 log u.f.g./g	(VR:6,5/8,0log u.f.g./g)	●	
Roseburia spp / Eubacterium [Rose/Eu] <i>Microbiota Muconutritiva</i>	8,4 log u.f.g./g	(VR:6,5/8,5log u.f.g./g)	●	

Informe de Análisis

Informe **38217751**v2

Cliente **DEMOSTRACION**

Referencia Cliente # DEMO

Lactobacillus spp [Lactob] <i>Microbiota Reguladora</i>	3,8 log u.f.g./g	(VR: 4,5/7,0 log u.f.g./g)	▼	
Enterococos spp <i>Microbiota Reguladora</i>	5,3 log u.f.g./g	(VR: 6,0/8,5 log u.f.g./g)	▼	
Staphylococcus spp [Staph] <i>Microbiota Reguladora</i>	2,7 log u.f.g./g	(VR: 2,5/5,0 log u.f.g./g)	●	
Bacillus spp [Bacill spp] <i>Microbiota Reguladora</i>	<1,0 log u.f.g./g	(VR: ≤4,0 log u.f.g./g)	●	
Veillonella spp [Veillon] <i>Microbiota Reguladora</i>	5,8 log u.f.g./g	(VR: 4,5/7,0 log u.f.g./g)	*	

Se detecta la presencia de especies de Veillonella que se relacionan con desequilibrios inmunológicos y/o patologías bucodentales.

Ruminococcus spp [Rumin spp] <i>Microbiota Reguladora</i>	6,6 log u.f.g./g	(VR: 5,5/7,0 log u.f.g./g)	●	
Clostridium grupo coccoides [Clostr coccoides] <i>Microbiota Proteolítica</i>	9,1 log u.f.g./g	(VR: 7,0/9,0 log u.f.g./g)	⚠	
Clostridium grupo perfringens [Clostr perfr] <i>Microbiota Proteolítica</i>	5,4 log u.f.g./g	(VR: ≤5,5 log u.f.g./g)	●	

Phylum Bacteroidetes

Bacteroides spp <i>Microbiota Reguladora</i>	8,7 log u.f.g./g	(VR: 7,0/8,5 log u.f.g./g)	⚠	
Prevotella spp <i>Microbiota Reguladora</i>	6,6 log u.f.g./g	(VR: 5,0/8,5 log u.f.g./g)	●	

Phylum Actinobacteria

Bifidobacterium spp [Bifido] <i>Microbiota Reguladora</i>	4,4 log u.f.g./g	(VR: 5,0/7,0 log u.f.g./g)	▼	
Corynebacterium spp [Coryn] <i>Microbiota Reguladora</i>	<1,0 log u.f.g./g	(VR: ≤3,0 log u.f.g./g)	●	
Brevibacterium spp [Brev] <i>Microbiota Reguladora</i>	2,9 log g.f/g	(VR: 1,0/2,5 log g.f/g)	⚠	

Phylum Proteobacteria

Oxalobacter spp [Oxal] <i>Microbiota Reguladora</i>	2,3 log u.f.g./g	(VR: 3,0/6,5 log u.f.g./g)	▼	
Escherichia coli [E coli] <i>Microbiota Proteolítica</i>	3,6 log u.f.g./g	(VR: 4,0/6,5 log u.f.g./g)	▼	
Enterobacteriaceae, excluido E. coli [ETB] <i>Microbiota Proteolítica</i>	1,1 log u.f.g./g	(VR: ≤2,5 log u.f.g./g)	●	
Pseudomona spp <i>Microbiota Proteolítica</i>	3,3 log u.f.g./g	(VR: ≤4,0 log u.f.g./g)	●	
Campylobacter spp <i>Microbiota Proteolítica</i>	<1,0 log u.f.g./g	(VR: ≤3,5 log u.f.g./g)	●	
Helicobacter spp <i>Microbiota Proteolítica</i>	<1,0 log u.f.g./g	(VR: ≤4,0 log u.f.g./g)	●	

Phylum Verrucomicrobia

Informe de Análisis

Informe **38217751**v2
 Cliente **DEMOSTRACION**
 Referencia Cliente # DEMO

Akkermansia muciniphila [Akker mucí] <i>Microbiota Muconutritiva</i>	5,3 log u.f.g./g	(VR: 5,0/8,5 log u.f.g./g)	●	
Phylum Fusobacteria				
Fusobacterium nucleatum [Fusob nucle] <i>Microbiota Proteolítica</i>	4,7 log u.f.g./g	(VR: ≤4,5 log u.f.g./g)	⚠	
Phylum Ascomycota				
Saccharomyces cerevisiae [Sac cerev] <i>Microbiota Reguladora</i>	5,7 log u.f.g./g	(VR: 2,0/5,0 log u.f.g./g)	⚠	
Candida spp [Cand spp] <i>Microbiota Proteolítica</i>	2,2 log u.f.g./g	(VR: ≤4,5 log u.f.g./g)	●	
Candida albicans [Cand albic] <i>Microbiota Proteolítica</i>	1,9 log u.f.g./g	(VR: ≤3,0 log u.f.g./g)	●	
Aspergillus spp [Asp] <i>Microbiota Proteolítica</i>	<1,0 log u.f.g./g	(VR: ≤2,5 log u.f.g./g)	●	
Archaeas				
Dominio Archaea [Arch] <i>Método PCR</i>	5,4 log u.f.g./g	(VR: 4,5/7,5 log u.f.g./g)	●	
Methanobrevibacter smithii [M smith] <i>Microbiota Reguladora</i>	4,6 log u.f.g./g	(VR: 4,5/7,0 log u.f.g./g)	●	
Methanospaera stadtmanae [M stadt] <i>Microbiota Proteolítica</i>	3,0 log u.f.g./g	(VR: ≤4,0 log u.f.g./g)	●	
Genes Funcionales				
Sulforeductoras [SulR] <i>Microbiota Proteolítica</i>	4,0 log g.f/g	(VR: 5,0/7,0 log g.f/g)	⚠	
Metanógenas [Metan] <i>Microbiota Reguladora</i>	4,1 log u.f.g./g	(VR: 3,5/6,0 log u.f.g./g)	●	
Parásitos				
Blastocistis hominis	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,50 Índice)	●	
Diaentamoeba fragilis	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,15 Índice)	●	
Entamoeba histolytica	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,15 Índice)	●	
Giardia lamblia	Índice 1,47	(VR: 1,00/1,50 Índice)	●	
Cryptosporidium parvum	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,25 Índice)	●	
Cyclospora cayetanensis	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,15 Índice)	●	
Isospora belli	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,25 Índice)	●	

Informe de Análisis

Informe **38217751**v2

Cliente **DEMOSTRACION**

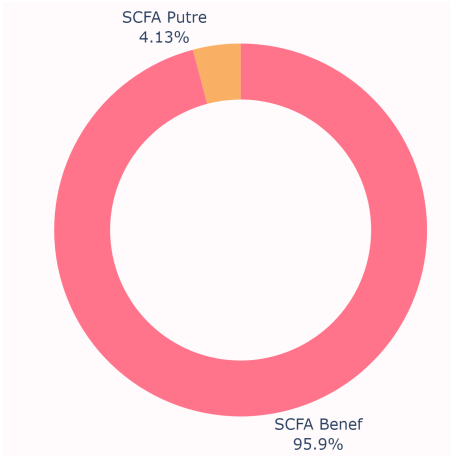
Referencia Cliente # DEMO



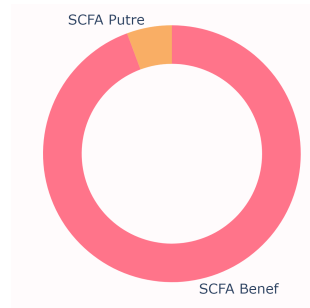
Tel 932.123.345

Ascaris lumbricoides	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,30 Índice)	●	
Enterobius vermicularis	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,25 Índice)	●	
Strongyloides stercoralis	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,30 Índice)	●	
Trichuris trichiura	Índice 1,05 Índice no significativo	(VR: 1,00/1,30 Índice)	●	
Oncocerca spp [Onc]	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,25 Índice)	●	
Necator americanus	Índice 1,01 AUSENCIA	(VR: 1,00/1,25 Índice)	●	

Ácidos Grasos de Cadena Corta (SCFA)



Guía Referencia



SCFA Totales	180,56 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(VR: $\geq 60,00 \mu\text{mol/g}$ muestra)	●	
SCFA Beneficiosos	173,11 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(VR: 50,00/200,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)	95,9 %	
SCFA Putrefactivos	7,45 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(VR: 3,00/12,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)	4,1 %	

SCFA Beneficiosos

SCFA Beneficiosos [SCFA Bene]	173,11 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(VR: 50,00/200,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)	●	
Ácido Butírico [Ác Butirico]	32,34 %	(VR: 10,00/25,00%)	▲	
Ácido Acético [Ác Acético]	45,08 %	(VR: 50,00/70,00%)	▼	
Ácido Propiónico [Ác Propion]	18,45 %	(VR: 12,00/25,00%)	●	

SCFA Putrefactivos

SCFA Putrefactivos [SCFA Putr]	7,45 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(VR: 3,00/12,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)	●	
SCFA origen proteico [SCFA Prot.]	7,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(VR: 2,50/10,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)	●	
Ácido Valérico [Ac Valerico]	1,31 %	(VR: 0,50/3,00%)	●	
Ácido iso-Valérico [Ac IsoVal]	1,30 %	(VR: 0,50/4,00%)	●	
Ácido Caprónico [Ac Caproic]	0,07 %	(VR: 0,10/2,00%)	▼	

Informe de Análisis

Informe **38217751**v2
 Cliente **DEMOSTRACION**
 Referencia Cliente # DEMO

Ácido iso-Capróico [Ac isoCaproic]	0,18 %	(VR: ≤0,50%)	●	
Ácido iso-Butírico [Ac isoButiric]	1,27 %	(VR: 0,50/3,00%)	●	

Enzimas y Microbiota

Alfa glucosidasa [a-Glucosi]	3,58 UI/ 100 mg Proteína	(VR: 3,00/12,00UI/ 100 mg Proteína)	●	
<i>Digestión</i>				
Beta-glucosidasa [β-Glucosi]	1,19 UI/ 100 mg Proteína	(VR: 1,50/7,00UI/ 100 mg Proteína)	▼	
<i>Digestión</i>				
Beta-glucuronidasa [β-Glucuro]	0,64 UI/ 100 mg Proteína	(VR: 0,60/3,50UI/ 100 mg Proteína)	●	
<i>Digestión</i>				

Marcadores Intestinales

pH	7,0 u. pH	(VR: 6,0/7,2u. pH)	●	
<i>Electrodo selectivo</i>				
Sangre Oculta [FOB]	<10 ng/mL	(VR: ≤100ng/mL)	●	
<i>Inflamación</i>	Negativo			
Calprotectina	1,25 mg/Kg	(VR: ≤50,00mg/Kg)	●	
<i>Inflamación</i>				
Lactoferrina [Lacfe]	<0,5 µg/mL	(VR: ≤7,20µg/mL)	●	
<i>Inflamación</i>				
Beta-defensina 2 [b-def2]	3,5 ng/mL	(VR: 8,0/60,0ng/mL)	▼	
<i>Inflamación</i>				
IgA secretora [IgAs]	870 µg/mL	(VR: 510/2.040µg/mL)	●	
<i>Infección</i>				
Gliadina sIgA [Gliad]	<20 U/L	(VR: ≤120U/L)	●	
<i>Infección</i>	No significativo			
Antígeno Helicobacter pylor [Ag H. pylor]	<1,0 ng/mL	(VR: ≤25,0ng/mL)	●	
<i>Infección</i>	No significativo			
Proteína X Eosinofílica [EPX]	243 ng/mL	(VR: ≤600ng/mL)	●	
<i>Infección</i>				
Elastasa pancreática 1 [Elast]	1.256 µg/g heces	(VR: 200/1.200µg/g heces)	▲	
<i>Digestión</i>				
Anti-tripsina alfa-1 [AntiTripsin]	4,16 mg/g	(VR: ≤30,00mg/g)	●	
<i>Permeabilidad Intestinal</i>				
Zonulina [Zonul]	88 ng/mL	(VR: ≤100ng/mL)	●	
<i>Permeabilidad Intestinal</i>				
GABA (gamma-aminobutírico) [GABA]	24,8 µg/mL	(VR: 2,0/25,0µg/mL)	●	
<i>Neurobiología</i>				
Triptófano [Trp]	132 ng/mL	(VR: 20/200ng/mL)	●	
<i>Neurobiología</i>				

Guía Orientativa para la Interpretación Resultados

Estudio básico

● Color	Marrón oscuro
● Consistencia	Blanda 4 Escala de Bristol

Distribución Filogenética

- **Phylum Firmicutes** 9,67 log u.f.g./g (8,50 / 10,00 log u.f.g./g)
El Phylum Firmicutes es muy abundantes en el tracto gastrointestinal. Aporta la mayoría de la diversidad bacteriana, ya que sus microorganismos forman parte de los tres tipos de microbiota (muconutritiva, reguladora y proteolítica).
- **Phylum Bacteroidetes** 9,67 log u.f.g./g (8,00 / 10,00 log u.f.g./g)
El Phylum Bacteroidetes está formando por bacterias anaerobias con funciones reguladoras. Se relacionan con la protección de la microbiota muconutritiva y son indicadores del tipo de dieta (carnívora o vegetariana).
- ▼ **Phylum Actinobacteria** 3,89 log u.f.g./g (5,50 / 8,50 log u.f.g./g)
El Phylum Actinobacteria está compuesto por microorganismos que generan compuestos con funciones farmacológicas. Regulan el pH y protegen frente a los microorganismos externos a la microbiota normal del paciente.
- **Phylum Proteobacteria** 4,34 log u.f.g./g (3,00 / 7,00 log u.f.g./g)
El Phylum Proteobacteria está formado por mucha variedad de bacterias con metabolismos muy diferentes. En el intestino, son el grupo menos abundante ya que la mayoría que lo colonizan acaban siendo patógenas en grandes cantidades. Representan la mayoría de la microbiota proteolítica.
- **Phylum Verrucomicrobia** 5,72 log u.f.g./g (5,50 / 9,00 log u.f.g./g)
El Phylum Verrucomicrobia es un grupo descrito recientemente. Las especies identificadas son muy importantes para el medio ambiente y para la salud de aparato digestivo, ya que generan muchos nutrientes e inhiben el crecimiento de la microbiota putrefactiva.

Distribución Funcional

 **Microbiota Muconutritiva [MMuco]** 8,6 log u.f.g./g (7,0 / 9,0 log u.f.g./g)

La microbiota muconutritiva se encarga de mantener el mucus que forma parte de la mucosa intestinal. Estas bacterias ayudan a la digestión, a la absorción y a la síntesis de muchos nutrientes, como el ácido butírico.

 **Microbiota Reguladora [MReg]** 5,3 log u.f.g./g (6,5 / 8,5 log u.f.g./g)

La microbiota reguladora tiene dos funciones:

- La función inmunológica que regula la actuación del sistema inmunitario. Evitan que la mayoría de sustancias potencialmente antigénicas desencadenen una reacción inmunitaria específica.
- La función protectora crea una barrera física e inmunológica. Mantienen el pH fisiológicamente ácido en la luz intestinal y conservan la integridad de la permeabilidad intestinal.

 **Microbiota Proteolítica [MProt]** 9,1 log u.f.g./g (6,5 / 9,0 log u.f.g./g)

La microbiota proteolítica se comporta como patógenos facultativos. Alcalinizan el medio intestinal y generan sustancias potencialmente tóxicas, como las aminas (hidrólisis de proteínas).

Índices

- **Firmicutes/Bacteroidetes [Firm/Bacter]** 0,00 Ratio (-0,10 / 0,30Ratio)

El ratio Firmicutes/Bacteroidetes refleja la distribución mayoritaria de la flora y disminuye con la edad por una disminución de la biodiversidad de la flora intestinal.

Cálculo: $\log Ph \text{ Firmicutes} - \log Ph \text{ Bacteroidetes}$

- **Bacteroides/Prevotella [Bacte/Prevot]** 2,10 Ratio (0,20 / 3,10Ratio)

El ratio Bacteroides/Prevotella (bacterias del phylum Bacteroidetes) está muy relacionado con la dieta, aumenta en dietas carnívoras y disminuye en dietas vegetarianas.

Cálculo: $\log \text{ Bacteroides} - \log \text{ Prevotella}$

- **Enterobacterias / Enterococcus [ETB/ Etc]** 0,02 Ratio (-1,00 / 2,00Ratio)

El ratio Enterobacterias/Enterococcus refleja el equilibrio entre la microbiota proteolítica y la reguladora junto con la funcionalidad principal de Escherichia coli.

- **Clostridium Coccoides/C perfringens [CCoc/ CPerf]** 3,70 Ratio (1,50 / 5,50Ratio)

El ratio Clostridium coccoides/Clostridium perfringens refleja el equilibrio entre las bacterias beneficiosas y las patógenas dentro del grupo de microbiota proteolítica.

Phylum Firmicutes

- **Faecalibacterium prausnitzii [Faeca praus]** 8,0 *log u.f.g./g* (6,5 / 8,0 *log u.f.g./g*)

La *Faecalibacterium prausnitzii* es uno de los componentes de la microbiota muconutritiva. Es una bacteria productora de ácidos grasos de cadena corta (SCFA), principalmente ácido butírico (fuente de energía para la mucosa intestinal y modulador de la microbiota). Se distribuye a lo largo del tracto gastrointestinal y se considera un indicador de salud intestinal.

- **Roseburia spp / Eubacterium [Rose/Eu]** 8,4 *log u.f.g./g* (6,5 / 8,5 *log u.f.g./g*)

La *Roseburia intestinalis* es uno de los componentes de la microbiota muconutritiva. Se encarga específicamente de estabilizar la mucosa y reparar su permeabilidad.

Las especies de *Eubacterium* son uno de los componentes de la microbiota reguladora. Se asocian a las especies de *Roseburia* ayudando en su crecimiento y protegen la mucosa intestinal.

Las bacterias que se detectan son *Eubacterium rectale*, *E. oxidoreducens*, *Roseburia intestinalis*, *R. cecicola*, *R. faecis*, *R. hominis*.

- ▼ **Lactobacillus spp [Lactob]** 3,8 *log u.f.g./g* (4,5 / 7,0 *log u.f.g./g*)

Las especies de *Lactobacillus* forman parte de la microbiota reguladora estable y obligada. Son productores de ácido láctico (precursor de los SCFA, de ácidos grasos de cadena corta) y bactericidas. También se encargan de acidificar el medio de forma que inhiben el crecimiento de bacterias de proteolíticas.

Las bacterias que se detectan son *Lactobacillus acidophilus*, *L. amylovorus*, *L. delbrueckii* subsp. *bulgaricus*, *L. delbrueckii* subsp. *delbrueckii*, *L. delbrueckii* subsp. *lactis*, *L. amylolyticus*, *L. acetotolerans*, *L. crispatus*, *L. amylophilus*, *L. johnsonii*, *L. gasseri*, *L. fermentum*, *L. pontis*, *L. reuteri*, *L. mucosae*, *L. vaginalis*, *L. panis*, *L. oris*, *L. pentosus*, *L. plantarum*, *L. collinoides*, *L. alimentarius*, *L. farciminis*, *L. brevis*, *L. buchneri*, *L. kefir*, *L. fructivorans*, *L. mali*, *L. animalis*, *L. murinus*, *L. ruminis*, *L. agilis*, *L. salivarius* subsp. *salicinicus*, *L. aviarius* subsp. *aviarius*, *L. sharpeae*, *L. manihotivorans*, *L. rhamnosus*, *L. casei* subsp. *casei*, *L. zaeae*, *L. paracasei* subsp. *paracasei*, *L. paracasei* subsp. *tolerans*, *L. coryniformis* subsp. *coryniformis*, *L. bifermentans*, *L. perolens*, *L. sakei* subsp. *sakei*, *L. casei* subsp. *fusiformis*, *Pediococcus pentosaceus*, *P. parvulus*, *P. acidilactici*, *P. dextrinicus*, *Weissella halotolerans*, *W. confusus*, *W. Paramesenteroides*, *W. hellenica*, *W. viridescens*, *W. kandleri*, *W. minor*, *Leuconostoc Lactis*

Phylum Firmicutes

 **Enterococos spp** **5,3** log u.f.g./g (6,0 / 8,5 log u.f.g./g)

Las especies de Enterococcus es uno de los componentes de la microbiota reguladora. Se consideran patógenos oportunistas y además son muy resistentes a los ácidos biliares y a los antibióticos en general. Acidifican el tracto intestinal aportando numerosas sustancias anti-bacterianas, tanto bactericidas como bacteriostáticas.

Las bacterias que se detectan son Enterococcus faecalis, E. faecium, E. asini, E. saccharolyticus, E. casseliflavus, E. gallinarum, E. dispar, E. flavescens, E. hirae, E. durans, E. pseudoavium, E. raffinosus, E. avium, E. malodoratus, E. mundtii, E. azikeevi, E. canis, E. gilvus, E. haemoperoxidus, E. hermannienseis, E. moravienseis, E. pallens, E. phoeniculicola, E. villorum, E. rottae

 **Staphylococcus spp [Staph]** **2,7** log u.f.g./g (2,5 / 5,0 log u.f.g./g)

Las especies de Staphylococcus forman parte de la microbiota reguladora. Están presentes en la mucosa intestinal y en la piel de los humanos. Tienen varios factores de virulencia como los ácidos teicoicos y los peptidoglicanos.

Las bacterias que se detectan son Staphylococcus aureus, S. caprae, S. epidermidis, S. haemolyticus, S. saprophyticus

 **Bacillus spp [Bacill spp]** **<1,0** log u.f.g./g (≤4,0 log u.f.g./g)

Las especies de Bacillus forman parte de la microbiota reguladora estable pero transitoria. Su presencia es un indicador de una mayor biodiversidad microbiológica en el intestino.

Las bacterias que se detectan son: Bacillus cereus, B. pumilus, B. licheniformis, B. clausii, B. subtilis, B. megaterium, B. mediterraneenseis, B. thuringienseis, B. coagulans, B. natto, B. stearothermophilus, B. alcalophilus, B. aquaemaris, B. brevis, B. firmus.

 **Veillonella spp [Veillon]** **5,8** log u.f.g./g (4,5 / 7,0 log u.f.g./g)

Se detecta la presencia de especies de Veillonella que se relacionan con desequilibrios inmunológicos y/o patologías bucodentales.

Las especies de Veillonella forman parte de la microbiota reguladora. Se relacionan con problemas de sensibilidad y/o intolerancia alimentaria. En algunos casos se relaciona con patologías orales ya que es un residente habitual de la microbiota bucal.

Las bacterias que se detectan son Veillonella alcalescens, V. parvula, V. criceti, V. ratti, V. atypica, V. caviae, V. denticariosi, V. dispar, V. infantium, V. magna, V. montpellierenseis, Veillonella rodentium, V. rogosae, Veillonella seminalis, V. tobetsuenseis.

 **Ruminococcus spp [Rumin spp]** **6,6** log u.f.g./g (5,5 / 7,0 log u.f.g./g)

Phylum Firmicutes



Clostridium grupo coccoides [Clostr coccoides]

9,1 log u.f.g./g

(7,0 / 9,0 log u.f.g./g)

El grupo de Clostridios coccoides forma parte de la microbiota proteolítica y son residentes habituales. Pertenecen a la microbiota activa ayudando a las células intestinales a modular los procesos fisiológicos, metabólicos e inmunes.

Las bacterias que se detectan son Clostridium coccoides, Cl. proteoclasticum, Cl. aminophilum, Cl. symbiosum, Cl. sphenoides, Cl. celerecrescens, Cl. aerotolerans, Cl. xylanolyticum, Cl. clostridiiforme, Cl. fusiformis, Cl. nexile, Cl. oroticum, Cl. populeti, Cl. aminovalericum, Cl. indolis, C. herbivorans, Cl. polysaccharolyticum, Eubacterium xylanophilum, E. ruminantium, E. saburreum, E. fissicatena, E. hadrum, E. rectale, E. ramulus, E. contortum, E. eligens, E. hallii, E. formicigenerans, E. cellulosolvans, Ruminococcus productus, R. obeum, R. schinkii, R. hydrogenotrophicus, R. hansenii, R. torques, R. lactaris, R. gnnavus, Butyrivibrio fibrisolvans, B. crossotus, B. fibrisolvans, Desulfotomaculum guttoideum, Roseburia cecicola, Pseudobutyrvibrio ruminis, Lachnospira multipara, Lachnospira pectinoschiza, Acetitomaculum ruminis, Catonella morbi



Clostridium grupo perfringens [Clostr perfr]

5,4 log u.f.g./g

(≤5,5 log u.f.g./g)

El grupo de Clostridios perfringens forma parte de la microbiota proteolítica y son residentes transitorios. Está compuesto por patógenos ampliamente distribuidos en el ambiente. Son formadores de esporas y pueden producir la liberación de enterotoxinas termolábiles.


Las bacterias que se detectan son Clostridium perfringens, Cl. homopropionicum, Cl. cadaveris, Cl. putrificum, Cl. botulinum, Cl. difficile, Cl. tetani, Cl. septicum, Cl. leptum, Cl. novyi, Cl. sporogenes, Cl. tyrobutyricum, Cl. kluverii, Cl. ljunghalii, Cl. scatologenes, Cl. acetireducens, Cl. subterminale, Cl. estertheticum, Cl. argentinense, Cl. sardiniensis, Cl. paraputrificum, Cl. longisporum, Cl. septicum, Cl. cellulovorans, Cl. barati, Cl. absonum, Cl. chauvoei, Cl. carnis, Cl. butyricum, Cl. beijerinckii, Cl. kainantoi, Cl. corinoforum, Cl. puniceum, Cl. histolyticum, Cl. proteolyticum, Cl. limosum, Cl. paraputrificum, Eubacterium budayi E. nitritogenes, E. moniliforme, E. multifforme

Phylum Bacteroidetes

 **Bacteroides spp** **8,7** log u.f.g./g (7,0 / 8,5 log u.f.g./g)

Las especies de Bacteroides son uno de los componentes más abundantes de la microbiota reguladora. Tiene una baja actividad metabólica pero potencian la resistencia contra la flora patógena.

Las bacterias que se detectan son Bacteroides fragilis, B. stercoris, B. vulgatus, B. eggerthii, B. acidofaciens, B. caccae, B. ovatus, B. uniformis, B. thetaiotaomicron, B. distasonis, B. merdae, B. forsythus, Prevotella tanneriae, P. bryantii, P. ruminicola, P. heparinolytica, P. zooglyphiformans, P. brevis, P. loescheii, P. buccae, P. oralis, P. enoeca, P. melaninogenica, P. veroralis, P. intermedia, P. albensis, P. nigrescens, P. corporis, P. disiens, P. bivia, P. pallens, P. denticola, Porphyromonas canoris, P. gingivalis, P. asaccharolytica, P. levii, P. cangingivalis, P. endodontalis, P. macacae, P. circumdentaria, P. catoniae

 **Prevotella spp** **6,6** log u.f.g./g (5,0 / 8,5 log u.f.g./g)

Las especies de Prevotella forman parte de la microbiota reguladora y se encuentra en las mucosas del tracto superior. Son especies sensibles a la bilis y participan en la resistencia contra la microbiota patógena.


Las bacterias que se detectan son Prevotella corporis, P. denticola, P. melaninogenica, P. veroralis, P. buccalis, P. intermedia, P. melaninogenica, P. oralis, P. loescheii, P. oris, P. ruminicola.

Phylum Actinobacteria

 **Bifidobacterium spp [Bifido]** **4,4** log u.f.g./g (5,0 / 7,0 log u.f.g./g)

Las especies de Bifidobacterium son componentes principales de la microbiota reguladora y se distribuye a lo largo de todo el intestino. Sus niveles reducen con el paso de los años. Están asociadas con una menor incidencia epidemiológica de alergias y pueden llegar a prevenir el crecimiento de tumores

Las bacterias que se detectan son Bifidobacterium longum, B. minimum, B. angulatum, B. catenulatum, B. pseudocatenulatum, B. dentium, B. ruminantium, B. thermophilum, B. subtile, B. bifidum, B. boum, B. lactis, B. animalis, B. choerinum, B. gallicum, B. pseudolongum subsp. globosum, B. pseudolongum subsp. pseudolongum, B. magnum, B. infantis, B. indicum, B. gallinarum, B. pullorum, B. saeculare, B. suis

 **Corynebacterium spp [Coryn]** **<1,0** log u.f.g./g (≤3,0 log u.f.g./g)

Las especies de Corynebacterium son parte de la microbiota reguladora. Se relacionan con problemas en la piel, como dermatitis atópica.

 **Brevibacterium spp [Brev]** **2,9** log g.f/g (1,0 / 2,5 log g.f/g)

Phylum Proteobacteria

▼	Oxalobacter spp [Oxal]	2,3 <i>log u.f.g./g</i>	<i>(3,0 / 6,5 log u.f.g./g)</i>
▼	Escherichia coli [E coli]	3,6 <i>log u.f.g./g</i>	<i>(4,0 / 6,5 log u.f.g./g)</i>

La Escherichia coli representa menos de 0,1% de la microbiota intestinal y sus funciones pueden ser como microbiota reguladora o proteolítica.

●	Enterobacteriaceae, excluido E. coli [ETB]	1,1 <i>log u.f.g./g</i>	<i>(≤2,5 log u.f.g./g)</i>
---	---	--------------------------------	----------------------------

Las Enterobacterias es uno de los representantes principales de la microbiota proteolítica. Normalmente son bacterias de tránsito que proceden de los alimentos en general.

Las bacterias que se detectan son diferentes especies de Alishewanella, Alterococcus, Aquamonas, Aranicola, Arsenophonus, Azotivirga, Blochmannia, Brenneria, Buchnera, Budvicia, Buttiauxella, Cedecea, Citrobacter, Dickeya, Edwardsiella, Enterobacter, Erwinia, Escherichia, Ewingella, Grimontella, Hafnia, Klebsiella, Kluivera, Leclercia, Leminorella, Moellerella, Morganella, Obesumbacterium, Pantoea, Paracolobactrum, Pectobacterium, Phlomobacter, Photorhabdus, Plesiomonas, Pragia, Proteus, Providencia, Rahnella, Raoultella, Salmonella, Samsonia, Serratia, Shigella, Sodalis, Tatumella, Trabulsiella, Wigglesworthia, Xenorhabdus, Yersinia, Yokenella.

●	Pseudomona spp	3,3 <i>log u.f.g./g</i>	<i>(≤4,0 log u.f.g./g)</i>
---	-----------------------	--------------------------------	----------------------------

Las especies de Pseudomonas forman parte de la microbiota proteolítica y se consideran patógenos oportunistas. Normalmente, son bacterias de tránsito que proceden de la ingesta.

Las bacterias que se detectan son Pseudomonas aeruginosa, P. putida

●	Campylobacter spp	<1,0 <i>log u.f.g./g</i>	<i>(≤3,5 log u.f.g./g)</i>
---	--------------------------	------------------------------------	----------------------------

Las especies de Campylobacter forman parte de la microbiota proteolítica y se buscan como indicador de infección intestinal (causa diarreas agudas).

Las bacterias que se detectan son Campylobacter jejuni subsp. jejuni, C. gracilis, C. sputorum, C. hyointestinalis, C. fetus, C. showae, C. rectus, C. curvus, C. lanienae, C. coli, C. lari, C. helveticus, C. concisus, C. jejuni subsp. doylei, C. hominis, C. upsaliensis, C. faecalis, C. mucosalis

●	Helicobacter spp	<1,0 <i>log u.f.g./g</i>	<i>(≤4,0 log u.f.g./g)</i>
---	-------------------------	------------------------------------	----------------------------

Las especies de Helicobacter forman parte de la microbiota proteolítica. Se busca como indicador de infección en el estómago.

Las bacterias que se detectan son Helicobacter pylori, H. pullorum, H. pametensis, H. trogontum, H. bizzoeronii, H. felis, H. salomonis, H. heilmannii, H. hepaticus, H. rodentium, H. mesocricetus, H. rodentium, H. suis, H. mustelae, H. suncus, H. muridarum, H. bilis, H. cholecystus, H. cinaedi, H. canis, Flexispira rappini, Wollinella succinogenes

Phylum Verrucomicrobia

-  **Akkermansia muciniphila [Akker muc]** 5,3 log u.f.g./g (5,0 / 8,5 log u.f.g./g)

La Akkermansia muciniphila es el representante principal de la microbiota muconutritiva. Se encarga de la formación de mucosa para corregir la permeabilidad intestinal y ayudar en la absorción de nutrientes.

Phylum Fusobacteria

-  **Fusobacterium nucleatum [Fusob nucle]** 4,7 log u.f.g./g (≤4,5 log u.f.g./g)

El Fusobacterium nucleatum es un bacteria que forma parte de la microbiota proteolítica y se relaciona con patologías cancerosas. En mujeres, su presencia puede indicar problemas durante el embarazo.

Phylum Ascomycota

-  **Saccharomyces cerevisiae [Sac cerev]** 5,7 log u.f.g./g (2,0 / 5,0 log u.f.g./g)

El Saccharomyces cerevisiae forma parte de la microbiota micológica del intestino. En su mayoría proviene de la dieta y en algunos casos de la ingesta de probióticos. Se utiliza como indicador del exceso de ingesta de probióticos.

-  **Candida spp [Cand spp]** 2,2 log u.f.g./g (≤4,5 log u.f.g./g)

Las especies de Candida forman parte de la microbiota micológica intestinal y puede dar lugar a la Candidiasis Intestinal y/o Vaginal. Normalmente se encuentra en niveles bajos ayudando a mantener el equilibrio intestinal, a eliminar restos de carbohidratos mal absorbidos, a absorber metales pesados para evitar que entren en nuestra sangre...


Se detecta Candida albicans, C. auris, C. glabrata, C. kefir, C. krusei, C. parapsilosis, C. tropicalis, C. utilis


-  **Candida albicans [Cand albic]** 1,9 log u.f.g./g (≤3,0 log u.f.g./g)


-  **Aspergillus spp [Asp]** <1,0 log u.f.g./g (≤2,5 log u.f.g./g)

Aspergillus spp es un indicador de la salud micológica del intestino. Es un productor de micotoxinas y se asocia a infecciones fúngicas como la Candidiasis.

Archaeas



-  **Dominio Archaea [Arch]** 5,4 *log u.f.g./g* (4,5 / 7,5 *log u.f.g./g*)

Son microorganismos unicelulares con una morfología procariota pero sus rutas metabólicas son muy parecidas a los eucariotas.
-  **Methanobrevibacter smithii [M smith]** 4,6 *log u.f.g./g* (4,5 / 7,0 *log u.f.g./g*)

Es una archaea productora de metano. Se encarga de extraer energía de los productos finales de la fermentación bacteriana y de reciclar el hidrógeno producido a través de su unión con dióxido de carbono o formiato. Puede crecer en presencia de sales biliares.
-  **Methanosphaera stadtmanae [M stadt]** 3,0 *log u.f.g./g* (\leq 4,0 *log u.f.g./g*)

Es una archaea productora de metano. Se encarga de extraer energía de los productos finales de la fermentación bacteriana y de reciclar el hidrógeno producido a través de su unión con metanol. Puede crecer en presencia de sales biliares.

Genes Funcionales

-  **Sulforeductoras [SulR]** 4,0 *log g.f/g* (5,0 / 7,0 *log g.f/g*)
-  **Metanógenas [Metan]** 4,1 *log u.f.g./g* (3,5 / 6,0 *log u.f.g./g*)

Son microorganismos productores de metano a través del uso de hidrógeno y dióxido de carbono.

Parásitos

- Blastocistis hominis** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,50 *Índice*)
AUSENCIA

Blastocistis hominis es un parásito que inicialmente puede ser asintomático. Provoca diarreas, náuseas, vómitos y/o espasmos estomacales. Se ha relacionado con el síndrome del intestino irritado y la artritis.
- Diaentamoeba fragilis** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,15 *Índice*)
AUSENCIA

Dientamoeba fragilis es un parásito que puede ser asintomático o provocar dolores gastrointestinales y diarreas crónicas con heces sanguinolentas, moco y pus en ocasiones. Puede provocar eosinofilia.
- Entamoeba histolytica** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,15 *Índice*)
AUSENCIA

Entamoeba histolytica es un parásito que causa amebiasis invasiva. Afecta al hígado (exceso de la actividad colagenasa), al sistema inmunitario (exceso de proteasas) y a las células intestinales (choque osmótico). Normalmente, ocasiona abscesos hepáticos.
- Giardia lamblia** 1,47 *Índice* (1,00 / 1,50 *Índice*)
Índice no significativo

Giardia lamblia es un parásito que se fija en el epitelio intestinal alterando las microvellosidades, causando problemas de malabsorción. Habitualmente es asintomático y muy común.
- Cryptosporidium parvum** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,25 *Índice*)
AUSENCIA

Cryptosporidium parvum un parásito que da lugar a una infección aguda de corta duración normalmente en pacientes inmunodeprimidos. Puede provenir del agua sin tratar.
- Cyclospora cayetanensis** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,15 *Índice*)
AUSENCIA

Cyclospora cayetanensis es un parásito que causa diarrea aguda y pérdida de peso.
- Isospora belli** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,25 *Índice*)
AUSENCIA

Isospora belli es un parásito que causa diarrea, malabsorción, eosinofilia y pérdida de peso.
- Ascaris lumbricoides** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,30 *Índice*)
AUSENCIA

Ascaris lumbricoides es un nematodo parásito del intestino delgado del hombre que causa dolor abdominal, malabsorción, obstrucción intestinal, cólico biliar..

Parásitos

- **Enterobius vermicularis** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,25 *Índice*)
AUSENCIA

Enterobius vermicularis es un nematodo parásito que causa prurito por la migración perianal; y en niños: insomnio, nerviosismo, irritabilidad, pesadillas y convulsiones.

- **Strongyloides stercoralis** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,30 *Índice*)
AUSENCIA

Strongyloides stercoralis es un nematodo parásito que puede causar síntomas intestinales (diarrea, anorexia, náuseas, vómitos, malabsorción...), cutáneos (púrpura angioderma, eritroderma...) o pulmonares.

- **Trichuris trichiura** 1,05 *Índice* (1,00 / 1,30 *Índice*)
Índice no significativo

Trichuris trichiura es un nematodo parásito que causa dolor abdominal, diarrea, colitis, prolapso rectal y/o eosinofilia.

- **Oncocherca spp [Onc]** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,25 *Índice*)
AUSENCIA

- **Necator americanus** 1,01 *Índice* (1,00 / 1,25 *Índice*)
AUSENCIA



INTERPRETACIÓN de RESULTADOS:

- AUSENCIA: resultado NEGATIVO, no se detecta ADN.
- ÍNDICE NO SIGNIFICATIVO: se detecta ADN inviable.
- PARÁSITOS EN TRÁNSITO: se detecta niveles bajos de ADN.
- PARASITOSIS: se detecta niveles elevados de ADN.

Existe poca correlación entre microscopia óptica y detección de ADN por técnicas de Biología Molecular.

Ácidos Grasos de Cadena Corta (SCFA)

● SCFA Totales	180,56 $\mu\text{mol/g}$ muestra	($\geq 60,00 \mu\text{mol/g}$ muestra)
----------------	-------------------------------------	---

Los ácidos grasos de cadena corta (SCFA) son un subgrupo de ácidos grasos con cadenas carbonadas de menos de seis carbonos. Estos se generan a partir de fibra soluble o almidón resistente a través de la microbiota intestinal. Luego sirven de alimento para las células de nuestro cuerpo.

● SCFA Beneficiosos	173,11 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(50,00 / 200,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)
	95,9 %	

Los SCFA beneficiosos son el ácido acético, el propiónico y el butírico, siendo el último el más importante. Sus proporciones deben ser 60/25/20 en una situación balanceada.

● SCFA Putrefactivos	7,45 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(3,00 / 12,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)
	4,1 %	

Los SCFA putrefactivos son ácidos grasos que provienen de la fermentación bacteriana de proteínas no digeridas. Específicamente son el ácido valérico, el iso-valérico, el caprónico, el iso-caprónico y el iso-butírico.

SCFA Beneficiosos

● SCFA Beneficiosos [SCFA Bene]	173,11 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(50,00 / 200,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)
▲ Ácido Butírico [Ác Butirico]	32,34 %	(10,00 / 25,00%)
▼ Ácido Acético [Ác Acético]	45,08 %	(50,00 / 70,00%)
● Ácido Propiónico [Ác Propion]	18,45 %	(12,00 / 25,00%)


SCFA Putrefactivos

● SCFA Putrefactivos [SCFA Putr]	7,45 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(3,00 / 12,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)
● SCFA origen proteico [SCFA Prot.]	7,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra	(2,50 / 10,00 $\mu\text{mol/g}$ muestra)
● Ácido Valérico [Ac Valerico]	1,31 %	(0,50 / 3,00%)
● Ácido iso-Valérico [Ac IsoVal]	1,30 %	(0,50 / 4,00%)
▼ Ácido Caprónico [Ac Caproic]	0,07 %	(0,10 / 2,00%)
● Ácido iso-Caprónico [Ac isoCaproic]	0,18 %	($\leq 0,50$ %)
● Ácido iso-Butírico [Ac isoButiric]	1,27 %	(0,50 / 3,00%)

Enzimas y Microbiota

 Alfa glucosidasa [a-Glucosi]	3,58 UI/ 100 mg Proteína	(3,00 / 12,00UI/ 100 mg Proteína)
---	-----------------------------	--------------------------------------

La alfa-glucosidasa es la una enzima que se sintetiza en su mayoría por la mayoría de las especies bacteriana. Su función principal es la hidrólisis de glucósidos a agliconas y otros componentes azucarados, sobretodo de los enlaces alfa.

 Beta-glucosidasa [β-Glucosi]	1,19 UI/ 100 mg Proteína	(1,50 / 7,00UI/ 100 mg Proteína)
---	-----------------------------	-------------------------------------












La beta-glucosidasa es la una enzima que se sintetiza en su mayoría por las especies de Bacteroides, Clostridium y/o Enterococcus faecalis. Su función principal es la hidrólisis de glucósidos a agliconas y otros componentes azucarados.

 Beta-glucuronidasa [β-Glucuro]	0,64 UI/ 100 mg Proteína	(0,60 / 3,50UI/ 100 mg Proteína)
---	-----------------------------	-------------------------------------

El ácido glucurónico es una sustancia que se une a diferentes metabolitos a nivel hepático y permite la eliminación de los mismos a través del tubo digestivo (detoxificación hepática fase II).

La beta-glucuronidasa es una enzima que se encuentra en el tubo digestivo en altas concentraciones y está producida por algunas de las bacterias intestinales. Su función es separar los metabolitos del ácido glucurónico para hacerlos reabsorbibles.




Marcadores Intestinales

	pH	7,0 u. pH	(6,0 / 7,2u. pH)
	El pH refleja la actividad metabólica global del colon, la composición microbiana del intestino y el hábito dietético. No está relacionado con la acidez gástrica, ya que las sales biliares la neutralizan.		
	Sangre Oculta [FOB]	<10 ng/mL	(≤100 ng/mL)
	Negativo		
	Calprotectina	1,25 mg/Kg	(≤50,00 mg/Kg)
	La calprotectina es un marcador inespecífico y estable de la inflamación intestinal.		
	Lactoferrina [Lacfe]	<0,5 µg/mL	(≤7,20 µg/mL)
	La Lactoferrina es una proteína globular del grupo de las transferrinas, es decir, de las proteínas transportadoras del hierro. Se relaciona con procesos de inflamación intestinal activos.		
	Beta-defensina 2 [b-def2]	3,5 ng/mL	(8,0 / 60,0ng/mL)
	La Beta-defensina 2 es una proteína secretada por los neutrófilos al detectar niveles elevados de bacterias gram negativa para controlar la respuesta del sistema inmune frente a un proceso inflamatorio.		
	IgA secretora [IgAs]	870 µg/mL	(510 / 2.040µg/mL)
	La IgA secretora es un marcador de la respuesta inmune del sistema gastrointestinal, ya sea por patología inflamatoria, infecciosa o por problemas de permeabilidad intestinal.		
	Gliadina slgA [Gliad]	<20 U/L	(≤120 U/L)
	No significativo		
	Antígeno Helicobacter pylori [Ag H. pylor]	<1,0 ng/mL	(≤25,0 ng/mL)
	No significativo		
	Proteína X Eosinofílica [EPX]	243 ng/mL	(≤600 ng/mL)
	La EPX o proteína X de los eosinófilos es un marcador de infección parasitaria y/o reacción alérgica.		
	Elastasa pancreática 1 [Elast]	1.256 µg/g heces	(200 / 1.200µg/g heces)
	La elastasa es un marcador de la función pancreática exocrina o secretora. Las causas de una insuficiencia pancreática pueden ser estrés prolongado y resistencia insulínica.		
	Anti-tripsina alfa-1 [AntiTripsin]	4,16 mg/g	(≤30,00 mg/g)
	La alfa 1 anti-tripsina es una proteína de síntesis hepática. Es un inhibidor de la proteólisis de los leucocitos polimorfonucleares en los procesos inflamatorios. También es un marcador de permeabilidad intestinal.		

Informe de Análisis

Informe **38217751**v2
Cliente **DEMOSTRACION**
Referencia Cliente # DEMO

Marcadores Intestinales

 Zonulina [Zonul]	88 ng/mL	<i>(≤100 ng/mL)</i>
La Zonulina es un marcador de permeabilidad intestinal, ya que se encarga de regular la unión de las tight-junctions.		
 GABA (gamma-aminobutírico) [GABA]	24,8 µg/mL	<i>(2,0 / 25,0µg/mL)</i>
 Triptófano [Trp]	132 ng/mL	<i>(20 / 200ng/mL)</i>

Es aconsejable que la confección del tratamiento individualizado sea llevado a cabo por un profesional, quien deberá tener en cuenta los resultados analíticos obtenidos en esta prueba y asociarlos al tratamiento individual según la patología de cada paciente.

Disbiosis Intestinal

(**VR:** Valores de Referencia expresados en cursiva)

Informe Validado por **Dra Concepción Alomar** Médico. COMB
10.679
Fecha Validación y Emisión Informe 08-06-2021 14:20



Acceso al informe digital.
www.teletest.es->Mis Resultados

Informe emitido por: **TeleTest Analytika S.A.** C/ Montseny 11 Barcelona; 08012.
Tel 932 123 345; laboratory@teletest.es

38217751 **dCjSE**

El informe sólo da fe de las muestras recibidas y analizadas tal como se recibió en el laboratorio. El informe no se puede reproducir parcialmente. La incertidumbre está a disposición del cliente. Documento firmado electrónicamente con certificado digital (FNMT www.fnmt.es).

Información aportada por el cliente, el laboratorio no es responsable de la misma.

Análisis clínicos

Autorización Generalitat de Catalunya E08026400. CIF A58023326
Director Laboratorio: Jose M^a Mestres. Farmacéutico Especialista Análisis Clínico. COFB 12.195