

INFORME DE MICROBIOTA INTESTINAL

XXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

Análisis metagenómico clínico μ Bioma

Índice

I. RESUMEN

Composición de la microbiota intestinal
Bacterias que favorecen la microbiota intestinal
Estructura funcional de la microbiota
Estructura de la microbiota bacteriana de la muestra fecal
Filos bacterianos dominantes
Biodiversidad
Sobrecrecimiento bacteriano
Bacterias relacionadas positivamente con la Homeostásis intestinal

II. ESTRUCTURA FUNCIONAL DE LA MICROBIOTA

Microbiota muconutritiva. Productora de Butirato
Microbiota reguladora de la mucosidad intestinal
Microbiota protectora y de contención
Microbiota inmunomoduladora
Microbiota metabólicas / energéticas
Microbiota proteolítica
Microbiota productora de GABA
Microbiota consumidora de GABA
Metabolismo de las isoflavonas (S-Equol) M. Productoras
Metabolismo de las isoflavonas (S-Equol) M. Consumidoras
Microbiota productora de aminas biogénicas (Histamina)
Microbiota metabólicas de la Trimetilamina
Microbiota productora de Succinato
Microbiota consumidora de Succinato
Metabolismo del Triptófano por la Microbiota y Eje intestino-cerebro
Microbiota productora de Indol
Microbiota productora de Tryptamina
Microbiota productora de Ácido indol propiónico (IPA)
Microbiota productora de Ácido indol acético (IAA)
Microbiota productora de Quinurenina
Microbiota productora de Quinolinato
Microbiota dominio Archaea productora de Metano
Microbiota productora de Sulfuro de Hidrógeno
Microbiota productora de Etanol

III. BACTERIAS BUCALES

IV. PATÓGENOS

Bacterias patógenas presentes en la muestra fecal
Cepas patógenas de Escherichia Coli presentes en la muestra fecal

V. HONGOS

VI. PARÁSITOS

VII. VIRUS Y FAGOS

Paciente: Tipo de muestra: Fecal Obtención: Análisis: Informe:

Género: Edad: Enfermedad previa:

Centro sanitario o institución: Prescriptor: Facultativo:

I. Resumen

COMPOSICIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL

| Parámetro | Valor | Referencia | Valoración |
|-----------------------------|---------|------------|------------|
| ADN HUMANO | 0,42 | < 5 | Normal |
| SECUENCIAS ADN HUMANO | 621 | | |
| CONTENIDO BACTERIANO | 66,77 | 40 - 70 | Normal |
| SECUENCIAS BACTERIANAS | 98.211 | | |
| SECUENCIAS TOTALES MUESTRA | 147.085 | | |
| Nº DE ESPECIES BACTERIAS | 866 | 400 - 2000 | Normal |
| Nº DE SUBESPECIES BACTERIAS | 183 | | |

Filos bacterianos dominantes

| | | | |
|-----------------|--------|---------|--------|
| BACTEROIDETES | 38,820 | 20 - 40 | Normal |
| PROTEOBACTERIA | 5,720 | < 5 | Alto |
| FIRMICUTES | 43,860 | 50 - 65 | Bajo |
| ACTINOBACTERIA | 4,490 | 2 - 5 | Normal |
| VERRUCOMICROBIA | 1,120 | 2 - 5 | Bajo |

| Filos bacterianos | Familias | Generos | Especies | Subespecies |
|-------------------|----------|---------|----------|-------------|
| 27 | 244 | 564 | 866 | 183 |

| | | | |
|----------------------|-------|---------|--------|
| REINO ARCHAEA | 0,070 | < 1 | Normal |
| REINO FUNGI (HONGOS) | 0,520 | 0,1 - 1 | Normal |
| VIRUS | 0,610 | 0,1 - 1 | Normal |
| PARÁSITOS | 0,340 | 0 - 1 | Normal |

ÍNDICE DE BIODIVERSIDAD

| Índice | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|----------------------------|-----------|----------------|------------|
| Firmicutes / Bacteroidetes | 1,130 | 1 - 3 | Normal |
| Firmicutes + Bacteroidetes | 82,680 | 85 - 90 | Bajo |
| Bacteroides / Prevotella | 308,890 | 2 - 3 | Alto |

SOBRECRECIMIENTO BACTERIANO

1 microorganismos encontrados.

| Especies / subespecies | Valor [%] | Referencia [%] |
|------------------------------|-----------|----------------|
| Alistipes onderdonkii | 7,320 | 0,25 - 2 |

BACTERIAS QUE FAVORECEN LA HOMEOSTASIS INTESTINAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|------------------------------|-----------------|-----------|----------------|------------|
| Faecalibacterium prausnitzii | Firmicutes | 11,730 | 5 - 15 | Normal |
| Roseburia hominis | Firmicutes | 1,700 | 1 - 3 | Normal |
| Roseburia intestinalis | Firmicutes | 1,210 | 1 - 3 | Normal |
| Akkermansia muciniphila | Verrucomicrobia | 1,110 | 2 - 5 | Bajo |
| Anaerostipes hadrus | Firmicutes | 0,960 | 2 - 6 | Bajo |
| [Eubacterium] rectale | Firmicutes | 0,420 | 1 - 6 | Bajo |
| Anaerobutyricum hallii | Firmicutes | 0,330 | 1 - 3 | Bajo |

ESTRUCTURA FUNCIONAL DE LA MICROBIOTA

| | Total [%] | Valoración |
|---|-----------|-------------|
| MICROBIOTA MUCONUTRITIVA. PRODUCTORA DE BUTIRATO | 30,820 | Normal |
| MICROBIOTA REGULADORA DE LA MUCOSIDAD INTESTINAL | 1,110 | Bajo |
| MICROBIOTA PROTECTORA Y DE CONTENCIÓN | 6,340 | Alterado |
| MICROBIOTA INMUNOMODULADORA | 8,490 | Alterado |
| MICROBIOTA METABÓLICAS/ ENERGÉTICAS | 43,210 | Alto |
| MICROBIOTA CON FUNCIÓN PROTEOLÍTICA | 20,550 | Alto |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE GABA | 31,250 | Alto |
| MICROBIOTA CONSUMIDORA DE GABA | 1,060 | Bajo |
| METABOLISMO DE LAS ISOFLAVONAS (S-EQUOL). M. PRODUCTORAS | 5,740 | Normal |
| METABOLISMO DE LAS ISOFLAVONAS (S-EQUOL). M. CONSUMIDORAS | 5,590 | Normal |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE AMINAS BIOGÉNICAS (HISTAMINA) | 0,590 | Normal |
| MICROBIOTA METABÓLICAS DE LA TRIMETILAMINA | 0,320 | Normal |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE SUCCINATO | 30,030 | Alto |
| MICROBIOTA CONSUMIDORA DE SUCCINATO | 1,630 | Bajo |
| MICROBIOTA PRODUCTORAS DEL INDOL | 30,820 | Alto |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE TRYPTAMINA | 5,840 | Alto |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE ÁCIDO INDOL PROPIÓNICO (IPA) | 0,460 | Normal |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE ÁCIDO INDOL ACÉTICO (IAA) | 0,120 | Normal |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE QUINURENINA | 0,860 | Normal |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE QUINOLINATO | 6,140 | Alto |
| MICROBIOTA DOMINIO ARCHAEA PRODUCTORA DE METANO | 0,000 | No presente |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE SULFURO DE HIDRÓGENO | 10,910 | Alto |
| MICROBIOTA PRODUCTORA DE ETANOL | 1,390 | Normal |

ESTRUCTURA DE LA MICROBIOTA BACTERIANA EN LA MUESTRA FECAL

Resultado

El contenido de ADN Humano en la muestra es de 0,42%

El contenido de ADN Bacteriano en la muestra es de 66,77%

| Filos bacterianos | Familias | Generos | Especies | Subespecies |
|-------------------|----------|---------|----------|-------------|
| 27 | 244 | 564 | 866 | 183 |

* Bacterias potencialmente detectables: 20.709

Descripción

El número de especies bacterianas presentes en la muestra de heces está dentro del intervalo de normalidad. La muestra presenta una biodiversidad muy ajustada. Su efecto beneficioso o perjudicial en la salud intestinal no está referenciada.

El número de especies que se han encontrado asociadas al intestino humano de forma global (en el conjunto de las distintas poblaciones humanas) se mueve entre los 250 a 3.000 especies. Esto no significa que todo el mundo las tenga todas. Este número está aumentando a medida que se van identificando nuevas especies que hasta ahora no eran cultivables (de hecho, ya se está hablando de que se podría llegar a más 4.000 especies bacterianas propias de nuestra Microbiota Intestinal como especie). Aunque no hay un consenso en cuál es el número ideal de especies en un individuo sano; actualmente se considera que una Microbiota Sana debería estar comprendida entre un mínimo de 400 y un valor superior de unas 2.000 especies. Se considera que por encima o por debajo de estos límites ya comienza a ser patológico.

FILOS BACTERIANOS DOMINANTES

Resultado

| Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|-----------------|-----------|----------------|------------|
| BACTEROIDETES | 38,820 | 20 - 40 | Normal |
| PROTEOBACTERIA | 5,720 | < 5 | Alto |
| FIRMICUTES | 43,860 | 50 - 65 | Bajo |
| ACTINOBACTERIA | 4,490 | 2 - 5 | Normal |
| VERRUCOMICROBIA | 1,120 | 2 - 5 | Bajo |

Descripción

Los Filos *Firmicutes*, *Actinobacteria* y *Verrucomicrobia* son importantes para la función muconutritiva, protección e inmunorregulación. En una Microbiota normal, este conjunto de Filos debería encontrarse en una horquilla entre el 55 % -72 %.

El Filo *Bacteroidetes* está implicado en la fermentación de las diversas fuentes de polisacáridos, las proteínas y producción de vitaminas y otras moléculas fundamentales para nuestra nutrición. Los valores normales se moverían en una horquilla entre el 20 y 40 %.

Las *Proteobacterias* son uno de los principales Filos de bacterias. Incluyen una gran variedad de patógenos, bacterias de vida libre, e incluso bacterias responsables de la fijación del nitrógeno. Existe una gran diversidad de formas entre ellas. Todas las Proteobacterias son Gram negativas, con una pared celular formada principalmente de lipopolisacáridos. Con respecto al tipo de metabolismo la gran mayoría son anaerobios. Los valores normales en la Microbiota intestinal se moverían en una horquilla por debajo del 5 %.

BIODIVERSIDAD

Resultado

| Indicador | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|-----------------------------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Firmicutes / Bacteroidetes</i> | 1,130 | 1 - 3 | Normal |
| <i>Firmicutes + Bacteroidetes</i> | 82,680 | 85 - 90 | Bajo |
| <i>Bacteroides / Prevotella</i> | 308,890 | 2 - 3 | Alto |

Descripción

Firmicutes y Bacteroidetes son los Filos más abundantes de la Microbiota Intestinal sana. La suma de ambos tiene que rondar entre un 85 - 90 % de la Microbiota Intestinal sana. La proporción entre ellos tiene que estar entre 1 y 3. Valores por debajo o por encima de este intervalo es indicativo de Disbiosis.

El índice **Bacteroides / Prevotella** está relacionado con los hábitos y el tipo de alimentación del paciente. Valores elevados de este índice son indicativo de una dieta occidental rica en proteínas, carbohidratos y grasas de origen animal frente al consumo de otras fuentes de proteínas y carbohidratos vegetales.

BACTERIAS RELACIONADAS POSITIVAMENTE CON LA HOMEOSTASIS INTESTINAL

Resultado

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|-------------------------------------|-----------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> | Firmicutes | 11,730 | 5 - 15 | Normal |
| <i>Roseburia hominis</i> | Firmicutes | 1,700 | 1 - 3 | Normal |
| <i>Roseburia intestinalis</i> | Firmicutes | 1,210 | 1 - 3 | Normal |
| <i>Akkermansia muciniphila</i> | Verrucomicrobia | 1,110 | 2 - 5 | Bajo |
| <i>Anaerostipes hadrus</i> | Firmicutes | 0,960 | 2 - 6 | Bajo |
| <i>[Eubacterium] rectale</i> | Firmicutes | 0,420 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Anaerobutyricum hallii</i> | Firmicutes | 0,330 | 1 - 3 | Bajo |

Descripción

Bacterias importantes en la función muconutritiva están en general a niveles normales o moderadamente bajas. A pesar de ello, creemos que el conjunto de la Microbiota podría ser suficiente para satisfacer los niveles de butirato necesario para nutrir los colonocitos intestinales. No obstante, su nutricionista valorará si necesita un aporte externo de butirato.

Akkermansia muciniphila cuando se encuentra alterada puede afectar negativamente a la estabilidad de la mucosa intestinal. Esta bacteria es fundamental para el mantenimiento del moco y mantener la función de barrera intestinal. Mejora los marcadores metabólicos del huésped, como la sensibilidad a la insulina y la endotoxemia. Productora de ácidos grasos de cadena corta que son beneficiosos para el huésped y los demás miembros de la Microbiota. Es la especie clave en el mantenimiento.

II. Estructura funcional de la Microbiota

MICROBIOTA MUCONUTRITIVA. PRODUCTORA DE BUTIRATO

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|---|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Coprococcus sp. ART55/1</i> | Firmicutes | 5,090 | < 0,7 | Alto |
| <i>Flavonifractor plautii</i> | Firmicutes | 1,040 | 0,2 - 1 | Alto |
| <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> | Firmicutes | 11,730 | 5 - 15 | Normal |
| <i>Lachnospiraceae bacterium GAM79</i> | Firmicutes | 2,910 | 0,5 - 5 | Normal |
| <i>Roseburia hominis</i> | Firmicutes | 1,700 | 1 - 3 | Normal |
| <i>Lachnospira eligens</i> | Firmicutes | 1,670 | 0,5 - 9 | Normal |
| <i>Roseburia intestinalis</i> | Firmicutes | 1,210 | 1 - 3 | Normal |
| <i>butyrate-producing bacterium SS3/4</i> | Firmicutes | 0,670 | 0,2 - 1 | Normal |
| <i>Collinsella aerofaciens</i> | Actinobacteria | 0,420 | 0,08 - 2,45 | Normal |
| <i>Coprococcus catus</i> | Firmicutes | 0,320 | 0,1 - 0,7 | Normal |
| <i>Intestinimonas butyriciproducens</i> | Firmicutes | 0,300 | 0,1 - 0,5 | Normal |
| <i>Dysosmobacter welbionis</i> | Firmicutes | 0,260 | < 0,5 | Normal |
| <i>Oscillibacter sp. PEA192</i> | Firmicutes | 0,240 | 0,1 - 0,5 | Normal |
| <i>Oscillibacter valericigenes Sjm18-20</i> | Firmicutes | 0,230 | 0,1 - 0,5 | Normal |
| <i>Clostridium butyricum</i> | Firmicutes | 0,050 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Butyrivibrio proteoclasticus B316</i> | Firmicutes | 0,050 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Butyrivibrio fibrisolvens</i> | Firmicutes | 0,030 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Butyrivibrio hungatei</i> | Firmicutes | 0,030 | < 0,1 | Normal |
| <i>Clostridium pasteurianum</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Olsenella uli DSM 7084</i> | Actinobacteria | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Olsenella sp. GAM18</i> | Actinobacteria | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Megasphaera stantonii</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Anaerostipes hadrus</i> | Firmicutes | 0,960 | 2 - 6 | Bajo |
| <i>[Ruminococcus] torques</i> | Firmicutes | 0,530 | 0,9 - 1,3 | Bajo |
| <i>[Eubacterium] rectale</i> | Firmicutes | 0,420 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Anaerobutyricum hallii</i> | Firmicutes | 0,330 | 1 - 3 | Bajo |
| <i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i> | Firmicutes | 0,230 | 0,5 - 5 | Bajo |
| <i>[Eubacterium] siraeum</i> | Firmicutes | 0,200 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Butyricimonas faecalis</i> | Bacteroidetes | 0,050 | 0,25 - 1 | Bajo |
| <i>Roseburia inulinivorans</i> | Firmicutes | 0,030 | 1 - 3 | Bajo |
| <i>Anaerostipes rhamnosivorans</i> | Firmicutes | 0,030 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Eubacterium limosum</i> | Firmicutes | 0,020 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Acidaminococcus intestini</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,1 - 1 | Bajo |
| <i>Clostridium tyrobutyricum</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Eubacterium maltosivorans</i> | Firmicutes | 0,010 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Clostridium acetobutylicum</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Clostridium drakei</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Porphyromonas asaccharolytica</i> | Bacteroidetes | 0,000 | 0,01 - 0,1 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **30,820**

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

Aproximadamente del 40-50 % de la energía disponible de los carbohidratos en la dieta se convierte en SCFA tales como el acetato, propionato y butirato por la microbiota colónica. El butirato, ácido graso de cadena corta, y las bacterias productoras de butirato ambas desempeñan un papel importante en el mantenimiento de la homeostasis intestinal y la integridad epitelial intestinal. El butirato es un nutriente muy importante para los colonocitos. También tiene efectos anticancerígeno, antioxidante y antiinflamatorio.

La microbiota productora de butirato, por debajo del 15% podría no ser suficientes para satisfacer los niveles de butirato para nutrir los colonocitos intestinales. No obstante, su facultativo valorará si necesita un aporte externo de butirato.

Faecalibacterium prausnitzii es un miembro fundamental para la homeostasis intestinal. Es una de las bacterias más abundantes en la Microbiota humana sana, sus valores de referencia están aproximadamente entre 5-15 %. Son productores de butirato (SCFA). También tiene propiedades inmunomoduladora induciendo efectos antiinflamatorios mediante la estimulación de la secreción de la citocina antiinflamatoria IL -10.

[Eubacterium] rectale y **[Eubacterium] siraeum** pertenecen al grupo de bacterias productoras de butirato de la familia Lachnospiraceae.

[Eubacterium] siraeum se ha descrito en la bibliografía médica ya que está elevado en algunas enfermedades inflamatorias como la espondilitis anquilosante.

Roseburia intestinalis y **Roseburia hominis** son bacterias intestinales productoras de butirato. Protegen la mucosa colónica contra el desarrollo de la inflamación y las enfermedades inflamatorias intestinales (EII). El género Roseburia, entre el 1 y el 3% se considera normal.

Anaerobutyricum halli, es miembro prominente de la microbiota productora de butirato en el intestino.

Anaerostipes hadrus y **Anaerostipes rhamnosivorans** son bacterias propias de nuestro microbioma intestinal productoras de butirato. Se ha encontrado que son más abundantes, en individuos sanos, que en personas con enfermedades inflamatorias intestinales.

MICROBIOTA REGULADORA DE LA MUCOSIDAD INTESTINAL

Resultado: BAJO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--------------------------------|-----------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Akkermansia muciniphila</i> | Verrucomicrobia | 1,110 | 2 - 5 | Bajo |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 1,110

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

Akkermansia muciniphila coloniza la capa externa del moco del intestino humano donde desencadena respuestas metabólicas e inmunes del huésped. Esta bacteria, es particularmente eficaz para aumentar el grosor del moco y aumentar la función de barrera intestinal. Como resultado, los marcadores metabólicos del huésped mejoran. Se cree que el mecanismo de regulación del huésped involucra la composición de la membrana externa, incluidos los pili de tipo IV de *A. muciniphila*, que son señales directas de los receptores inmunitarios del huésped. Al mismo tiempo, su actividad metabólica conduce a la producción de ácidos grasos de cadena corta, que son beneficiosos para el huésped y los miembros de la microbiota. Esto contribuye a la microbiota huésped y la simbiosis de microbios. La actividad mucolítica y la producción de metabolitos hacen de *Akkermansia muciniphila* una especie clave en la capa de moco, que estimula las redes microbianas beneficiosas de la mucosa.

MICROBIOTA PROTECTORA Y DE CONTENCIÓN

Resultado: ALTERADO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|-------------------------------------|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Bifidobacterium</i> | Actinobacteria | 1,870 | 0,5 - 1 | Alto |
| <i>Eggerthella lenta</i> | Actinobacteria | 0,620 | 0,01 - 0,04 | Alto |
| <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> | Bacteroidetes | 1,590 | 0,5 - 4 | Normal |
| <i>Collinsella aerofaciens</i> | Actinobacteria | 0,420 | 0,08 - 2,45 | Normal |
| <i>Streptococcus</i> | Firmicutes | 0,200 | 0,01 - 0,5 | Normal |
| <i>Streptococcus salivarius</i> | Firmicutes | 0,050 | 0,01 - 0,5 | Normal |
| <i>Enterococcus faecium</i> | Firmicutes | 0,040 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Veillonella parvula</i> | Firmicutes | 0,020 | 0,01 - 0,05 | Normal |
| <i>Blautia obeum</i> | Firmicutes | 0,900 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Streptomyces</i> | Actinobacteria | 0,300 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Bacillus</i> | Firmicutes | 0,230 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Enterococcus</i> | Firmicutes | 0,080 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Lactobacillus</i> | Firmicutes | 0,070 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium breve</i> | Actinobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium longum</i> | Actinobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Eubacterium limosum</i> | Firmicutes | 0,020 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Lactococcus</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,1 - 1 | Bajo |
| <i>Weissella</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,1 - 1 | Bajo |
| <i>Leuconostoc</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,1 - 1 | Bajo |
| <i>Enterococcus faecalis</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Ligilactobacillus salivarius</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | Bajo |
| <i>Limosilactobacillus reuteri</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | Bajo |
| <i>Enterococcus durans</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **6,340**

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

La Microbiota bacteriana con función protectora proporciona el microambiente que impide que haya un sobrecrecimiento de bacterias proteolíticas y de patógenos. El equilibrio entre las especies bacterianas residentes confiere estabilidad al conjunto de la población microbiana. El efecto de barrera se debe a la capacidad de ciertas bacterias para segregar sustancias antimicrobianas (Bacteriocinas), que inhiben la proliferación de otras bacterias y también a la competición entre bacterias por los recursos del sistema, ya sea nutrientes o espacios ecológicos.

Bifidobacterium adolescentis cuando es abundante, suele deberse al uso de probióticos de dicha especie bacteriana. Los probióticos deberían ser utilizados siempre bajo la supervisión de un facultativo.

Se han descrito en algunos experimentos donde los metabolitos protéicos de *Bifidobacterium adolescentis* podrían generar hepatotoxicidad en células de origen humano THLE-2. Por ello, sería recomendable llevar un control mediante marcadores hepáticos.

B. thetaiotaomicron degrada los polisacáridos vegetales esenciales para el intestino humano, estimula la angiogénesis en el intestino. También media en la formación de la barrera mucosa intestinal, que protege al huésped de la invasión de patógenos a través de la regulación de la expresión de proteínas antibióticas específicas de especie.

Los géneros **Bifidobacterium**, **Enterococcus** y **Lactobacillus** forman parte de la Microbiota asociada a la mucosa y cumplen un papel importante en la función protectora y de contención de patógenos. Los bajos niveles de estos géneros pueden comprometer su función.

Las Bifidobacterias reducen los niveles de lipopolisacáridos intestinales (LPS), disminuyen los niveles de citocinas proinflamatorias, mejoran la motilidad intestinal y pueden reducir el estado inflamatorio. Cuando su abundancia está disminuida complica este funcionamiento.

El género **Enterococcus** son bacterias del ácido láctico (LAB) miembros de la flora comensal del colon humano. Los Enterococcus pueden producir Bacteriocinas, compuestos antimicrobianos, que limitan la proliferación de patógenos, aunque pueden actuar como patógenos en determinadas patologías.

Collinsella aerofaciens a niveles fisiológicos es capaz de desconjugar los ácidos biliares y esta capacidad de modificar los ácidos biliares permite modular la virulencia y patogenicidad de patógenos entéricos. Los ácidos biliares en condiciones fisiopatológicas se relacionan con procesos inflamatorios y carcinogénesis del aparato digestivo.

Las bacterias del género **Streptomyces** (filo Actinobacteria) se pueden encontrar tanto en el suelo como en el intestino. Aunque hay especies patógenas, también es verdad que producen compuestos antiproliferativos, antiinflamatorios, inmunosupresores y antibióticos. Estas sustancias son buenos aliados contra la alergia y la autoinmunidad, así como contra las enfermedades inflamatorias del intestino.

MICROBIOTA INMUNOMODULADORA

Resultado: ALTERADO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|-------------------------------------|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Bacteroides fragilis</i> | Bacteroidetes | 1,580 | < 0,5 | Alto |
| <i>Eggerthella lenta</i> | Actinobacteria | 0,620 | 0,01 - 0,04 | Alto |
| <i>Roseburia hominis</i> | Firmicutes | 1,700 | 1 - 3 | Normal |
| <i>Roseburia intestinalis</i> | Firmicutes | 1,210 | 1 - 3 | Normal |
| <i>Collinsella aerofaciens</i> | Actinobacteria | 0,420 | 0,08 - 2,45 | Normal |
| <i>Streptococcus salivarius</i> | Firmicutes | 0,050 | 0,01 - 0,5 | Normal |
| <i>Enterococcus faecium</i> | Firmicutes | 0,040 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Enterococcus cecorum</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Blautia obeum</i> | Firmicutes | 0,900 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Blautia sp. SC05B48</i> | Firmicutes | 0,750 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Escherichia coli</i> | Proteobacteria | 0,430 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Parabacteroides distasonis</i> | Bacteroidetes | 0,260 | 0,5 - 2,3 | Bajo |
| <i>Blautia producta</i> | Firmicutes | 0,230 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Blautia argi</i> | Firmicutes | 0,120 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Enterococcus</i> | Firmicutes | 0,080 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium adolescentis</i> | Actinobacteria | 0,070 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium breve</i> | Actinobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium longum</i> | Actinobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium bifidum</i> | Actinobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Enterococcus faecalis</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Enterococcus hirae</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Bifidobacterium dentium</i> | Actinobacteria | 0,000 | 0,1 - 0,5 | No presente |
| <i>Bifidobacterium choerinum</i> | Actinobacteria | 0,000 | 0,1 - 0,5 | No presente |
| <i>Ligilactobacillus ruminis</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 8,490

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

El sistema inmune, en el aparato gastrointestinal, actúa controlando la entrada y eliminando los microorganismos que son patógenos. La microbiota inmunomoduladora actúa entrenando a nuestro sistema para poder diferenciar la microbiota comensal de la patógena; modula las respuestas del sistema inmune disminuyendo los procesos inflamatorios. La pérdida de la mucosa intestinal y la falta de esta microbiota inmunomoduladora, permite que en el tracto intestinal se estén produciendo procesos inflamatorios de forma continua en el tiempo, y puedan darse situaciones de permeabilidad intestinal.

Bacteroides fragilis, a niveles fisiológicos, modula la inducción de células Treg del huésped y la producción de citoquinas antiinflamatorias IL-10. *Bacteroides fragilis* es un patobionte, microbio endógeno benigno que tienen la capacidad, en condiciones de un ecosistema alterado (Disbiosis), de provocar determinadas patologías.

Escherichia coli es una bacteria miembro de la familia de las enterobacterias y forma parte de la microbiota del tracto gastrointestinal humano. Es un bacilo gramnegativo, no exigente, oxidasa negativa, catalasa positiva, anaerobio facultativo, cuya temperatura de crecimiento preferente es a 37 °C (mesófilo), móvil por flagelos peritricos. Es la bacteria anaerobia facultativa comensal más abundante de la microbiota del tracto gastrointestinal, donde junto con otros microorganismos, es esencial para el funcionamiento correcto del proceso digestivo: participa en la producción de las vitaminas B y K; además ejerce una función inmunomoduladora cuando se encuentra a sus niveles de referencia: 0,5 – 1 %. A niveles elevados, predomina su capacidad proteolítica, y puede estar alterada esta función.

Parabacteroides distasonis, a niveles fisiológicos, parece ejercer un beneficio metabólico en la disminución de ganancia de peso, en la hiperglucemia y en la esteatosis hepática en modelos animales (ratones) alimentados con dieta alta en grasas. Tratamiento con *P. distasonis* in vivo alteran dramáticamente el perfil de ácido biliar. Eleva el ácido litocólico y ácido ursodesoxicólico; y aumenta el nivel de succinato en el intestino. In vitro *P. distasonis* demostró su capacidad para transformar los ácidos biliares y la producción de succinato. Parece que puede disminuir la hiperglucemia, en modelos animales, a través de la activación de la gluconeogénesis intestinal.

Parabacteroides distasonis a niveles fisiológico modulan la inducción de células Treg del huésped y la producción de citoquinas antiinflamatorias IL-10 mediante la liberación de PSA asociado a las vesículas de la membrana externa.

Roseburia intestinalis es una de las bacterias dominantes en el intestino sano. Ayuda a proteger la mucosa del colon contra el desarrollo de la enfermedad inflamatoria a través de la regulación de las células Treg y la inhibición de la producción de IL-17.

Roseburia hominis promueve la función de barrera intestinal, la inmunidad innata en el intestino sano estimulando a las células Treg, promoviendo las uniones estrechas y las uniones adherentes de la capa subepitelial del intestino.

El género **Roseburia** formado por bacterias productoras de butirato e inmunomoduladora son saludables para nuestro intestino.

Las bacterias dentro de los filos **Bacteroidetes** y **Proteobacteria**, a niveles elevados, actúan de forma negativa sobre el epitelio intestinal y estimulan procesos inflamatorios cuando están en contacto con el epitelio en ausencia del moco intestinal. Especies productoras de sulfatasas dentro de estos grupos, degradan el polisacárido del moco, lo cual también altera la mucosa intestinal. Promueven la respuesta inmune de la mucosa por Th17 y el reclutamiento de neutrófilos. Estimula la producción de IL- 8, IL- 6 y CCL 20 por las células epiteliales. Activa el receptor Toll 2, lo que estimula la producción de citoquinas IL23, IL1 por Th17.

La inflamación de la mucosa conduce a la diseminación sistémica de mediadores inflamatorios, bacterias y productos bacterianos, que a su vez pueden agravar los resultados de la enfermedad sistémica.

Bacteroides fragilis a niveles fisiológicos esta bacteria modula la inducción de células Treg del huésped y la producción de citoquinas antiinflamatorias IL-10. *Bacteroides fragilis* es un patobionte que tienen la capacidad, en condiciones de un ecosistema alterado (Disbiosis), de provocar determinadas patologías. Cuando los niveles son elevados en la muestra, posiblemente estén produciendo una serie notablemente compleja de neurotoxinas proinflamatorias que incluyen lipopolisacáridos de superficie (BF-LPS) y péptidos proteolíticos tóxicos y citoquinas proinflamatorias.

MICROBIOTA METABÓLICAS/ ENERGÉTICAS

Resultado: ALTO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--|---------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Alistipes onderdonkii</i> | Bacteroidetes | 7,320 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Alistipes onderdonkii subsp. vulgaris</i> | Bacteroidetes | 7,320 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Bacteroides uniformis</i> | Bacteroidetes | 5,590 | 0,5 - 5 | Alto |
| <i>Phocaeicola vulgatus</i> | Bacteroidetes | 5,270 | 0,5 - 4 | Alto |
| <i>Bacteroides ovatus</i> | Bacteroidetes | 4,800 | 0,5 - 1 | Alto |
| <i>Alistipes finegoldii</i> | Bacteroidetes | 2,160 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Bacteroides fragilis</i> | Bacteroidetes | 1,580 | < 0,5 | Alto |
| <i>Bacteroides sp. A1C1</i> | Bacteroidetes | 1,130 | 0,1 - 1 | Alto |
| <i>Ruminococcus champanellensis</i> | Firmicutes | 0,090 | < 0,04 | Alto |
| <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> | Bacteroidetes | 1,590 | 0,5 - 4 | Normal |
| <i>Bacteroides caccae</i> | Bacteroidetes | 1,260 | 0,25 - 2,8 | Normal |
| <i>Bacteroides xylanisolvens</i> | Bacteroidetes | 0,860 | 0,5 - 5 | Normal |
| <i>Ruthenibacterium lactatiformans</i> | Firmicutes | 0,750 | 0,1 - 1 | Normal |
| <i>Phocaeicola dorei</i> | Bacteroidetes | 0,590 | 0,5 - 5 | Normal |
| <i>Bacteroides caecimuris</i> | Bacteroidetes | 0,090 | < 0,1 | Normal |
| <i>Ruminococcus albus</i> | Firmicutes | 0,030 | < 0,05 | Normal |
| <i>Veillonella parvula</i> | Firmicutes | 0,020 | < 0,05 | Normal |
| <i>Phocaeicola salanitronis</i> | Bacteroidetes | 0,020 | < 0,1 | Normal |
| <i>Blautia obeum</i> | Firmicutes | 0,900 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Blautia sp. SC05B48</i> | Firmicutes | 0,750 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Blautia producta</i> | Firmicutes | 0,230 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Alistipes shahii</i> WAL 8301 | Bacteroidetes | 0,190 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Alistipes communis</i> | Bacteroidetes | 0,170 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Blautia argi</i> | Firmicutes | 0,120 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Bacteroides cellulosilyticus</i> | Bacteroidetes | 0,090 | 0,5 - 4 | Bajo |
| <i>Ruminococcus bicirculans</i> | Firmicutes | 0,070 | 0,5 - 2,5 | Bajo |
| <i>Prevotella</i> | Bacteroidetes | 0,070 | 0,5 - 5 | Bajo |
| <i>Alistipes dispar</i> | Bacteroidetes | 0,060 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Bacteroides intestinalis</i> | Bacteroidetes | 0,050 | 0,2 - 1 | Bajo |
| <i>Paraprevotella xylaniphila</i> | Bacteroidetes | 0,040 | 0,5 - 5 | Bajo |
| <i>Acidaminococcus intestini</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,1 - 1 | Bajo |
| <i>Alistipes megaguti</i> | Bacteroidetes | 0,010 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Alistipes sp. dk3624</i> | Bacteroidetes | 0,000 | 0,25 - 2 | Bajo |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **43,210**

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

Las especies asociadas a esta función realizan conversiones metabólicas que son esenciales para el huésped, a menudo relacionadas con la degradación de proteínas o polisacáridos complejos estructuralmente diversos, tanto de origen animal como vegetal. Esta actividad metabólica es la que nos proporciona las fuentes de energía y nutrientes que nuestro organismo no puede obtener con sus recursos propios. Dentro del conjunto de la microbiota bacteriana, los Bacteroides

presentes, representan la comunidad que tienen la mayor capacidad fermentativa tanto de fuentes animales como vegetales.

MICROBIOTA CON FUNCIÓN PROTEOLÍTICA

Resultado: ALTO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--|-----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Alistipes onderdonkii</i> | Bacteroidetes | 7,320 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Alistipes onderdonkii subsp. vulgaris</i> | Bacteroidetes | 7,320 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Alistipes finegoldii</i> | Bacteroidetes | 2,160 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Eggerthella lenta</i> | Actinobacteria | 0,620 | 0,01 - 0,04 | Alto |
| <i>Campylobacter</i> | Proteobacteria | 0,050 | < 0,01 | Alto |
| <i>Salmonella enterica</i> | Bacteroidetes | 0,040 | < 0,01 | Alto |
| <i>Helicobacter</i> | Proteobacteria | 0,020 | < 0,01 | Alto |
| <i>Clostridium</i> | Firmicutes | 0,850 | 0,2 - 1 | Normal |
| <i>Pseudomonas</i> | Proteobacteria | 0,320 | < 0,5 | Normal |
| <i>Streptococcus</i> | Firmicutes | 0,200 | 0,01 - 0,5 | Normal |
| <i>Staphylococcus</i> | Firmicutes | 0,060 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Enterococcus faecium</i> | Firmicutes | 0,040 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Veillonella parvula</i> | Firmicutes | 0,020 | 0,01 - 0,05 | Normal |
| <i>Acidaminococcus fermentans</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,04 | Normal |
| <i>Megasphaera stantonii</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Propionibacterium</i> | Actinomycetes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Fusobacterium nucleatum</i> | Fusobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Selenomonas ruminantium</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Klebsiella aerogenes</i> | Proteobacterias | 0,000 | < 1 | Normal |
| <i>Escherichia coli</i> | Proteobacteria | 0,430 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Streptomyces</i> | Actinobacteria | 0,300 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Bacillus</i> | Firmicutes | 0,230 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Alistipes shahii</i> WAL 8301 | Bacteroidetes | 0,190 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Alistipes communis</i> | Bacteroidetes | 0,170 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Enterococcus</i> | Firmicutes | 0,080 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Alistipes dispar</i> | Bacteroidetes | 0,060 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Parabacteroides sp. CT06</i> | Bacteroidetes | 0,030 | 0,1 - 1 | Bajo |
| <i>Enterobacter</i> | Proteobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Alistipes megaguti</i> | Bacteroidetes | 0,010 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Enterococcus faecalis</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Alistipes sp. dk3624</i> | Bacteroidetes | 0,000 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Proteus vulgaris</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Klebsiella michiganensis</i> | Proteobacterias | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Enterococcus durans</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Lancefieldella parvula</i> | Actinobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 20,550

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

La Microbiota intestinal proteolítica libera gran cantidad de intermediarios metabólicos, tales como ácidos grasos de cadenas ramificadas y sustancias potencialmente tóxicas como amoníaco, aminos, fenoles e indoles, que en determinadas situaciones pueden entrar en el interior del organismo pudiendo generar endotoxemia bacteriana. La actividad fermentativa de las proteínas en el intestino grueso está soportada por un mínimo indicado en el porcentaje relativo de la microbiota bacteriana de la muestra.

Estas bacterias tienen el principal número de vías de putrefacción entre las bacterias comensales, lo que normalmente conduce a la producción bacteriana de metabolitos dañinos como amoníaco, H₂S, cresol, indol y fenol. El exceso de amoníaco cuando es absorbido daña las células colónicas. También pueden hidrolizar el triptófano para producir indol.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE GABA

Resultado: ALTO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|---|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Alistipes</i> | Bacteroidetes | 10,190 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Bacteroides uniformis</i> | Bacteroidetes | 5,590 | 0,5 - 5 | Alto |
| <i>Phocaeicola vulgatus</i> | Bacteroidetes | 5,270 | 0,5 - 4 | Alto |
| <i>Bacteroides ovatus</i> | Bacteroidetes | 4,800 | 0,5 - 1 | Alto |
| <i>Alistipes finegoldii</i> | Bacteroidetes | 2,160 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Bacteroides fragilis</i> | Bacteroidetes | 1,580 | < 0,5 | Alto |
| <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> | Bacteroidetes | 1,590 | 0,5 - 4 | Normal |
| <i>Bacteroides caccae</i> | Bacteroidetes | 1,260 | 0,25 - 2,8 | Normal |
| <i>Phocaeicola dorei</i> | Bacteroidetes | 0,590 | 0,5 - 5 | Normal |
| <i>Parabacteroides distasonis</i> | Bacteroidetes | 0,260 | 0,5 - 2,3 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium adolescentis</i> | Actinobacteria | 0,070 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Alistipes indistinctus</i> | Bacteroidetes | 0,030 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium longum</i> | Actinobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium angulatum</i> | Actinobacteria | 0,010 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Lactiplantibacillus plantarum</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | Bajo |
| <i>Streptococcus thermophilus</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,01 - 0,5 | Bajo |
| <i>Limosilactobacillus reuteri</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | Bajo |
| <i>Lactobacillus delbrueckii</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | No presente |
| <i>Bifidobacterium dentium</i> | Actinobacteria | 0,000 | 0,1 - 0,5 | No presente |
| <i>Lactobacillus brevis</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | No presente |
| <i>Lactococcus lactis subsp. lactis</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **31,250**

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

MICROBIOTA CONSUMIDORA DE GABA

Resultado: BAJO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|------------------------|----------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Pseudomonas</i> | Proteobacteria | 0,320 | < 0,5 | Normal |

| | | | | |
|------------------------|----------------|-------|------------|--------|
| <i>Staphylococcus</i> | Firmicutes | 0,060 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Corynebacterium</i> | Actinobacteria | 0,060 | < 0,1 | Normal |
| <i>Acinetobacter</i> | Proteobacteria | 0,060 | < 0,1 | Normal |
| <i>Brevibacterium</i> | Actinobacteria | 0,020 | < 0,1 | Normal |
| <i>Kocuria</i> | Actinobacteria | 0,010 | < 0,1 | Normal |
| <i>Streptomyces</i> | Actinobacteria | 0,300 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Bacillus</i> | Firmicutes | 0,230 | 0,5 - 1 | Bajo |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **1,060**

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

El ácido gamma-aminobutírico (GABA) es un neurotransmisor ampliamente distribuido en las neuronas del córtex cerebral. Es utilizada por las neuronas del sistema nervioso para comunicarse entre sí en los llamados espacios sinápticos por los cuales se conectan entre ellas. Su función, es la de ser un neurotransmisor inhibitorio, ya que envía mensajes químicos por el cerebro y el sistema nervioso. En otras palabras, participa en la comunicación entre neuronas. El papel del GABA es el de inhibir o reducir la actividad neuronal. Es importante en el comportamiento, la cognición y la respuesta del cuerpo frente al estrés. Ayuda a controlar el miedo y la ansiedad cuando las neuronas se sobreexcitan. Los niveles bajos de GABA se asocian a trastornos de ansiedad, problemas para dormir, depresión y esquizofrenia.

Las bacterias del género **Alistipes** pueden expresar glutamato decarboxilasa, una enzima que metaboliza el glutamato a ácido aminobutírico (GABA). Cuando los niveles de Alistipes estén altos, podría estar incrementando los niveles de GABA intestinal.

Su médico o nutricionista valorará como puede afectarle posibles alteraciones.

METABOLISMO DE LAS ISOFLAVONAS (S-EQUOL). M. PRODUCTORAS

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|-------------------------------------|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Bacteroides ovatus</i> | Bacteroidetes | 4,800 | 0,5 - 1 | Alto |
| <i>Eggerthella lenta</i> | Actinobacteria | 0,620 | 0,01 - 0,04 | Alto |
| <i>Enterococcus faecium</i> | Firmicutes | 0,040 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Blautia producta</i> | Firmicutes | 0,230 | 1 - 6 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium longum</i> | Actinobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium animalis</i> | Actinobacteria | 0,010 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Adlercreutzia sp. 8CFCBH1</i> | | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Eggerthella sp. YY7918</i> | Actinobacteria | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Adlercreutzia equolifaciens</i> | Actinobacteria | 0,000 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Bifidobacterium pseudolongum</i> | Actinobacteria | 0,000 | 0,1 - 0,5 | No presente |
| <i>Streptococcus intermedius</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,01 - 0,5 | No presente |
| <i>Finegoldia magna</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,1 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **5,740**

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

METABOLISMO DE LAS ISOFLAVONAS (S-EQUOL). M. CONSUMIDORAS

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|------------------------------|---------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Bacteroides uniformis</i> | Bacteroidetes | 5,590 | 0,5 - 5 | Alto |
| <i>Tannerella forsythia</i> | Bacteroidetes | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **5,590**

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

Las personas con dietas ricas en isoflavonas tienen una incidencia significativamente menor de enfermedades cardiovasculares, osteoporosis y algunos tipos de cáncer. La efectividad clínica de las isoflavonas de soja puede estar en función de su biotransformación por la Microbiota Intestinal de cada persona. Las bacterias implicadas en el metabolismo de las isoflavonas habitualmente suelen estar descompensadas.

El **S-equol, estrógeno isoflavandiolo**, es el producto de la metabolización de la daidzeína, un tipo de isoflavona que se encuentra en la soja y otras fuentes vegetales, por la flora bacteriana en el intestino. Por tanto, la bioconversión de las isoflavonas en S-equol, solo es posible si hay una presencia de taxones bacterianos viables productores de S-equol.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE AMINAS BIOGÉNICAS (HISTAMINA)

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|------------------------------------|------------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Clostridium perfringens</i> | Firmicutes | 0,110 | < 0,01 | Alto |
| <i>Klebsiella pneumoniae</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Morganella morganii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Klebsiella aerogenes</i> | Proteobacterias | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Escherichia coli</i> | Proteobacteria | 0,430 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Enterobacter</i> | Proteobacteria | 0,030 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Lactococcus lactis</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,01 - 0,05 | Bajo |
| <i>Limosilactobacillus reuteri</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | Bajo |
| <i>Cyberlindnera jadinii</i> | Ascomycota | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Lactobacillus sakei</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,01 - 0,05 | No presente |
| <i>Lactobacillus buchneri</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,01 - 0,05 | No presente |
| <i>Yarrowia lipolytica</i> | Saccharomycotina | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Debaryomyces hansenii</i> | Saccharomycotina | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Tetragenococcus halophilus</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,1 | No presente |
| <i>Proteus vulgaris</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **0,590**

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

La histamina es una amina biógena que se puede acumular en los alimentos debido a la descarboxilación enzimática de la histidina llevada a cabo por determinados microorganismos de la Microbiota Intestinal. El consumo de alimentos con elevadas concentraciones de histamina puede provocar una serie de efectos toxicológicos de carácter neurológico,

gastrointestinal o respiratorio. De hecho, la histamina es una de las aminas biógenas más tóxicas y que más frecuentemente se encuentra en alimentos, principalmente en pescado y alimentos fermentados. Entre los alimentos fermentados, es en el queso donde se encuentran las mayores cantidades, habiéndose descrito concentraciones superiores a 1.800 mg de histamina por kg de queso. La intolerancia a la histamina suele estar asociada a alteraciones en la expresión sérica de la enzima Diamino Oxidasa. Las alteraciones en el gen AOC1, algunas variantes genéticas patológicas, pueden generar un déficit DAO.

MICROBIOTA METABÓLICAS DE LA TRIMETILAMINA

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|------------------------------------|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Clostridium botulinum</i> | Firmicute | 0,090 | < 0,01 | Alto |
| <i>Lacrimispora sphenoides</i> | Firmicutes | 0,040 | < 0,01 | Alto |
| <i>Clostridium baratii</i> | Firmicutes | 0,030 | < 0,01 | Alto |
| <i>Clostridium sporogenes</i> | Firmicutes | 0,020 | < 0,01 | Alto |
| <i>Klebsiella</i> | Proteobacteria | 0,030 | < 0,1 | Normal |
| <i>Gottschalkia</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Clostridium scatologenes</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Pseudomonas putida</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Tissierella</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Desulfovibrio desulfuricans</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Sinorhizobium meliloti</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Hathewayia</i> | Firmicutes | 0,000 | < 1 | Normal |
| <i>Hathewayia histolytica</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Prevotella</i> | Bacteroidetes | 0,070 | 0,5 - 5 | Bajo |
| <i>Streptococcus sanguinis</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,01 - 0,5 | Bajo |
| <i>Clostridium formicaceticum</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Acinetobacter calcoaceticus</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Serratia marcescens</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Aminobacter aminovorans</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Proteus vulgaris</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 0,320

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

La trimetilamina es un compuesto orgánico producto de la descomposición de animales y plantas. Es la principal sustancia responsable del olor desagradable asociado al pescado descompuesto, a algunas infecciones, y al mal aliento. Se encuentra asociada a la toma de grandes dosis de colina y carnitina.

La trimetilamina está formada por algunas bacterias intestinales principalmente a partir de la colina y la carnitina de los alimentos. Después, es absorbida a través del intestino, y llega al hígado donde es oxidada hasta N-óxido de trimetilamina (TMAO), el cual se asocia al desarrollo de enfermedad cardiovascular y renal. Si hay un sobrecrecimiento de bacterias productoras de trimetilamina, para no aumentar el riesgo de aterosclerosis, se recomienda tener una dieta baja en colina y carnitina (reducir alimentos de origen animal, especialmente carne roja).

La trimetilaminuria es un desorden genético autosómico recesivo que involucra una deficiencia de la trimetilamina oxidasa. Se caracteriza porque el organismo afectado es incapaz de metabolizar la trimetilamina adquirida con los alimentos. Los pacientes desarrollan un característico 'olor a pescado'; en sudor, orina y aliento luego de haber consumido alimentos ricos en colina.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE SUCCINATO

Resultado: ALTO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--|-----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Alistipes onderdonkii subsp. vulgaris</i> | Bacteroidetes | 7,320 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Phocaeicola vulgatus</i> | Bacteroidetes | 5,270 | 0,5 - 4 | Alto |
| <i>Alistipes finegoldii DSM 17242</i> | Bacteroidetes | 2,160 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Bacteroides fragilis</i> | Bacteroidetes | 1,580 | < 0,5 | Alto |
| <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> | Firmicutes | 11,730 | 5 - 15 | Normal |
| <i>Ruminococcus albus</i> | Firmicutes | 0,030 | < 0,05 | Normal |
| <i>Succinivibrio dextrinosolvens</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Akkermansia muciniphila</i> | Verrucomicrobia | 1,110 | 2 - 5 | Bajo |
| <i>Parabacteroides distasonis</i> | Bacteroidetes | 0,260 | 0,5 - 2,3 | Bajo |
| <i>Alistipes shahii WAL 8301</i> | Bacteroidetes | 0,190 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Alistipes communis</i> | Bacteroidetes | 0,170 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Bacteroides cellulosilyticus</i> | Bacteroidetes | 0,090 | 0,5 - 4 | Bajo |
| <i>Alistipes dispar</i> | Bacteroidetes | 0,060 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Paraprevotella xylaniphila</i> | Bacteroidetes | 0,040 | 0,5 - 5 | Bajo |
| <i>Alistipes indistinctus</i> | Bacteroidetes | 0,030 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Alistipes megaguti</i> | Bacteroidetes | 0,010 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Alistipes sp. dk3624</i> | Bacteroidetes | 0,000 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>uncultured Alistipes sp.</i> | Bacteroidetes | 0,000 | 0,25 - 2 | No presente |
| <i>Citrobacter freundii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,02 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **30,030**

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

MICROBIOTA CONSUMIDORA DE SUCCINATO

Resultado: BAJO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--------------------------------------|---------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> | Bacteroidetes | 1,590 | 0,5 - 4 | Normal |
| <i>Veillonella parvula</i> | Firmicutes | 0,020 | 0,01 - 0,05 | Normal |
| <i>Barnesiella viscericola</i> | Bacteroidetes | 0,010 | 0,01 - 1,5 | Normal |
| <i>Phascolarctobacterium faecium</i> | Firmicutes | 0,010 | < 1,5 | Normal |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **1,630**

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

La fermentación de las fibras vegetales y dietéticas, por parte de algunas bacterias de la microbiota intestinal, producen una gran cantidad de succinato. También lo pueden producir a partir de la fermentación de aminoácidos. El succinato es un sustrato para la formación de glucosa en el intestino. Se cree que este succinato puede ayudar a mejorar la tolerancia a la glucosa y la insulina en sangre, lo que mejora el control glucémico. En un intestino sano no suele encontrarse apenas succinato porque es rápidamente consumido por otras bacterias para producir propionato (Bacteroides entre otras bacterias). En una situación de Disbiosis por una serie de causas diversas (haber consumido antibióticos, problemas de motilidad intestinal, existencia de enfermedad inflamatoria intestinal, etc), se puede producir una acumulación de succinato en el lumen intestinal. Se cree que las causas pueden ser: una reducción de las bacterias consumidoras de succinato, o bien, un aumento de bacterias productoras de succinato como Bacteroides, Alistipes, etc.

Hay una fuerte asociación entre la microbiota intestinal y el succinato circulante en humanos, y se cree que está más aumentado en el plasma, cuanto mayor sea la permeabilidad intestinal. Por ejemplo, en pacientes con enfermedad de Crohn, se ha observado que no sólo hay un aumento del succinato en la luz intestinal sino también en el plasma.

En caso de que las microbiotas asociadas al metabolismo del succinato estén descompensadas, su facultativo valorará cómo pueden afectarles estos niveles.

METABOLISMO DEL TRIPTÓFANO POR LA MICROBIOTA Y EJE INTESTINO-CEREBRO

La comunidad microbiana intestinal puede modular las funciones del eje intestino-cerebro a través de diversos metabolitos microbianos, denominados metabolitos neuroactivos. Estos son producidos entre otros a través del metabolismo del **triptófano**. El triptófano es un aminoácido esencial en nuestra dieta, y entra en esta a través de una serie de alimentos que son particularmente ricos en este aminoácido. Entre los alimentos, especialmente ricos en triptófano, que consecuentemente aumentan los niveles de **serotonina**, se encuentran el pavo, pollo, leche, queso, pescado, huevos, tofu, soja; semillas de ajonjolí, sésamo, girasol y calabaza; nueces, almendras, avellanas; plátano, aguacate; arroz, avena. Legumbres como las lentejas, judías y garbanzos.

El **triptófano** se metaboliza en el intestino a través de varias vías metabólicas en los distintos filos bacterianos intestinales. El estudio de la Microbiota en individuos sanos y pacientes con enfermedades neurológicas sugiere que hay una asociación entre estas vías metabólicas del triptófano con la etiología de diferentes enfermedades. Estudios recientes han especulado sobre el vínculo entre la Microbiota Intestinal disbiótica y las enfermedades o trastornos del sistema nervioso como el autismo, la esclerosis múltiple, la enfermedad de Parkinson, etc.

También las bacterias intestinales pueden limitar la disponibilidad de triptófano al metabolizarlo para producir indol, triptamina, ácido indol acético (IAA) y ácido indol propiónico (IPA), lo que limita la disponibilidad de triptófano para el propio huésped. La reducción de los niveles de triptófano circulante por la Microbiota Intestinal afecta así a la neurotransmisión serotoninérgica, lo que influye en el funcionamiento del sistema nervioso central y entérico. Los niveles bajos de serotonina tienen relación con la depresión, la fatiga y las funciones cognitivas deterioradas.

La producción de **triptamina** por las bacterias intestinales a través de la acción de la descarboxilasa del triptófano, influye en la respuesta inhibitoria de las células, a la serotonina y su liberación por las células de enterocromafines.

Otros metabolitos derivados del triptófano por bacterias intestinales son: la quinurenina, el quinolinato, el indol y los derivados de indol. La quinurenina, el quinolinato, por ejemplo, perturban las funciones cerebrales y causan síntomas similares a la depresión. El secuestro de triptófano del huésped para producir quinurenina y quinolinato reduce la concentración de triptófano en la sangre, lo que limita la producción de serotonina en el cerebro.

Se ha demostrado que el indol y los derivados del indol, incluidos el ácido indol acético (IAA) y el ácido indol propiónico (IPA), alteran el metabolismo del SNC en estudios en humanos y animales. En general, el catabolismo de triptófano mediado por el microbioma intestinal parece ser uno de los factores reguladores cruciales que es importante para el eje intestino-cerebro.

MICROBIOTA PRODUCTORAS DEL INDOL

Resultado: ALTO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|------------------------------|---------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Alistipes onderdonkii</i> | Bacteroidetes | 7,320 | 0,25 - 2 | Alto |

| | | | | |
|--|----------------|-------|-----------|-------------|
| <i>Alistipes onderdonkii subsp. vulgaris</i> | Bacteroidetes | 7,320 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Bacteroides uniformis</i> | Bacteroidetes | 5,590 | 0,5 - 5 | Alto |
| <i>Bacteroides ovatus</i> | Bacteroidetes | 4,800 | 0,5 - 1 | Alto |
| <i>Alistipes finegoldii DSM 17242</i> | Bacteroidetes | 2,160 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Bacteroides fragilis</i> | Bacteroidetes | 1,580 | < 0,5 | Alto |
| <i>Clostridiales bacterium</i> | Firmicutes | 0,030 | < 0,01 | Alto |
| <i>Bacteroides xylanisolvens</i> | Bacteroidetes | 0,860 | 0,5 - 5 | Normal |
| <i>Citrobacter</i> | Proteobacteria | 0,020 | < 0,1 | Normal |
| <i>Prevotella intermedia</i> | Bacteroidetes | 0,010 | < 0,07 | Normal |
| <i>Desulfitobacterium hafniense</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Propionibacterium</i> | Actinomycetes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Fusobacterium ulcerans</i> | Fusobacteria | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Escherichia coli</i> | Proteobacteria | 0,430 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Alistipes shahii WAL 8301</i> | Bacteroidetes | 0,190 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Alistipes communis</i> | Bacteroidetes | 0,170 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Bacteroides cellulosilyticus</i> | Bacteroidetes | 0,090 | 0,5 - 4 | Bajo |
| <i>Lachnospiraceae bacterium</i> | Firmicutes | 0,070 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Alistipes dispar</i> | Bacteroidetes | 0,060 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Bacteroides intestinalis</i> | Bacteroidetes | 0,050 | 0,2 - 1 | Bajo |
| <i>Alistipes indistinctus</i> | Bacteroidetes | 0,030 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Acidaminococcus intestini</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,1 - 1 | Bajo |
| <i>Alistipes megaguti</i> | Bacteroidetes | 0,010 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Alistipes sp. dk3624</i> | Bacteroidetes | 0,000 | 0,25 - 2 | Bajo |
| <i>Tannerella</i> | Bacteroidetes | 0,000 | 0,1 - 0,6 | Bajo |
| <i>Fusobacterium ulcerans ATCC 49185</i> | Fusobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Providencia alcalifaciens</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Providencia stuartii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Oxalobacter formigenes</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,1 | No presente |
| <i>Fusobacterium varium</i> | Fusobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Citrobacter freundii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,02 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **30,820**

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

El indol, al igual que otros metabolitos producidos por las bacterias a partir del triptófano, es una sustancia que tiene capacidad de atravesar la pared intestinal y pasar a la sangre. Al llegar al hígado, puede ser transformado en indoxil sulfato, el cual a concentraciones elevadas tiene efectos citotóxicos. Esto puede producir un aumento de la actividad detoxificadora del hígado que, si se mantiene en el tiempo, puede producir alteraciones en este órgano.

El sobrecrecimiento de bacterias productoras de indol a consecuencia del consumo del triptófano puede inducir la liberación del GLP-1 (pépti similar al gluc1) en las células-L enteroendocrinas del intestino que producen hormonas. El GLP-1 tiene la capacidad de suprimir el apetito, la liberación de insulina y también puede retrasar el vaciado gástrico. Los bajos niveles de triptófano disminuyen la motilidad intestinal.

El indol puede atravesar la barrera hematoencefálica (BHE) produciendo procesos inflamatorios crónicos en el cerebro, que pueden producir graves alteraciones cognitivas. El aumento de indol produce una disminución en las concentraciones de triptófano, lo cual disminuye las concentraciones de serotonina, neurotransmisor relacionado con el estado de ánimo, la depresión y las alteraciones del sueño.

Las bacterias del género *Alistipes* también son organismos indol positivo, que lo pueden producir a partir de la hidrólisis del triptófano de la dieta. El secuestro del triptófano, que es un precursor de la serotonina, por parte de estas bacterias puede afectar negativamente el eje intestino-cerebro por la disminución de la biodisponibilidad de serotonina. Por ello, los *Alistipes* pueden tener un efecto significativo en enfermedades como depresión, ansiedad, síndrome de fatiga crónica, autismo, cirrosis, y el envejecimiento.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE TRYPTAMINA

Resultado: ALTO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Coprococcus</i> | Firmicutes | 5,410 | 0,2 - 0,7 | Alto |
| <i>[Ruminococcus] gnavus ATCC 29149</i> | Firmicutes | 0,210 | < 0,1 | Alto |
| <i>Clostridium sporogenes</i> | Firmicutes | 0,020 | < 0,01 | Alto |
| <i>Bifidobacterium catenulatum</i> | Actinobacteias | 0,200 | 0,1 - 0,5 | Normal |
| <i>Lachnospiraceae bacterium</i> | Firmicutes | 0,070 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Xenorhabdus nematophila</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,1 | No presente |
| <i>Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | No presente |
| <i>Desulfotobacterium dehalogenans</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 5,840

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

La triptamina es un neurotransmisor con una amplia variedad de actividades biológicas. La señalización mediada por triptamina podría afectar el tránsito de partículas de alimentos y células bacterianas a través de la luz intestinal. Como una amina traza encontrada en pequeñas cantidades en el cerebro, es un ligando para los receptores TAAR que potencia la respuesta inhibitoria de las células a la serotonina, así como un ligando para el receptor sigma-2. La triptamina en heces induce la liberación de serotonina por las células enterocromafines.

Fluctuaciones en los niveles de serotonina intestinal se cree que modulan la motilidad gastrointestinal y pueden desempeñar un papel en la patología de las enfermedades inflamatorias del intestino. La serotonina juega un papel crítico como molécula de señalización en el sistema nervioso entérico, donde se ha propuesto la modulación de los receptores de serotonina como tratamiento para el síndrome del intestino irritable.

Las descarboxilasas del triptófano en la Microbiota Intestinal aumentan la posibilidad de que los microbios puedan secuestrar el triptófano de la dieta, convertirlo en triptamina y, por lo tanto, alterar el espectro y la distribución de los metabolitos de triptófano que resultan en el huésped. La reducción del nivel de triptófano en plasma disminuiría la producción de serotonina en el cerebro y podría representar un mecanismo por el cual la Microbiota influye en el comportamiento.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE ÁCIDO INDOL PROPIÓNICO (IPA)

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--------------------------------------|----------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Clostridium sporogenes</i> | Firmicutes | 0,020 | < 0,01 | Alto |
| <i>Escherichia coli</i> | Proteobacteria | 0,430 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Lactiplantibacillus plantarum</i> | Firmicutes | 0,000 | 0,06 - 0,1 | Bajo |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 0,460

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE ÁCIDO INDOL ACÉTICO (IAA)

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|-------------------------------------|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Staphylococcus</i> | Firmicutes | 0,060 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Klebsiella</i> | Proteobacteria | 0,030 | < 0,1 | Normal |
| <i>Citrobacter</i> | Proteobacteria | 0,020 | < 0,1 | Normal |
| <i>Providencia rettgeri</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Streptococcus equinus</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Providencia alcalifaciens</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Citrobacter freundii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,02 | No presente |
| <i>Acinetobacter radioresistens</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Proteus mirabilis</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Enterobacter cancerogenus</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Providencia rustigianii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **0,120**

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

El ácido indolacético se origina a partir de la degradación del triptófano, al igual que los indoles, por bacterias intestinales y posteriormente son sulfatados en el hígado a indoxil sulfato. Los indoles y fenoles son toxinas urémicas unidas a proteínas.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE QUINURENINA

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--------------------------------|----------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Pseudomonas</i> | Proteobacteria | 0,320 | < 0,5 | Normal |
| <i>Paenisporsarcina</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,1 | Normal |
| <i>Streptococcus equinus</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Streptomyces</i> | Actinobacteria | 0,300 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Bacillus</i> | Firmicutes | 0,230 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Pseudomonas oleovorans</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,1 | No presente |
| <i>Providencia rustigianii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **0,860**

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

La quinurenina se produce a partir del triptófano, por la enzima triptófano dioxigenasa, que se produce principalmente,

pero no exclusivamente, en el hígado, y la indoleamina 2,3-dioxigenasa, que se produce en muchos tejidos en respuesta a la activación inmune.

La quinurenina y sus metabolitos tienen una serie de funciones biológicas, como la dilatación de los vasos sanguíneos durante la inflamación y la regulación de la respuesta inmune. Cuando la quinurenina se encuentra aumentada, puede perturbar las funciones cerebrales (cognitivas) y causar síntomas parecidos a la depresión. También se la asocia a los tics que presentan los pacientes TEA. La encontramos aumentada en algunos tumores, donde favorece el crecimiento de estos, y en la Enfermedad de Alzheimer.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE QUINOLINATO

Resultado: ALTO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|----------------------------------|----------------|-----------|----------------|--------------------|
| <i>Coprococcus</i> | Firmicutes | 5,410 | 0,2 - 0,7 | Alto |
| <i>Escherichia coli</i> | Proteobacteria | 0,430 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Streptomyces</i> | Actinobacteria | 0,300 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Lachnospiraceae bacterium</i> | Firmicutes | 0,070 | 0,1 - 0,5 | Bajo |
| <i>Enterobacter cancerogenus</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 6,140

*La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.*

Descripción

El ácido quinolínico es un metabolito del triptófano de la ruta de la quinurenina. El ácido quinolínico tiene un potente efecto neurotóxico que participa en procesos neurodegenerativos en el cerebro, como en el complejo de demencia por SIDA, enfermedad de Alzheimer, enfermedad de Huntington, esclerosis lateral amiotrófica, esclerosis múltiple y enfermedad de Parkinson. Dentro del cerebro, el ácido quinolínico solo es producido por microglía activada y macrófagos.

MICROBIOTA DOMINIO ARCHAEA PRODUCTORA DE METANO

Resultado: NO PRESENTE

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--|---------------|-----------|----------------|-------------|
| <i>Methanobrevibacter smithii</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |
| <i>Methanosarcina barkeri</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |
| <i>Methanobrevibacter sp. AbM4</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |
| <i>Methanosphaera stadtmanae</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |
| <i>Methanohalobium evestigatum</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |
| <i>Methanobrevibacter olleyae</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |
| <i>Methanococcus maripaludis</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |
| <i>Methanohalophilus portucalensis</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |
| <i>Candidatus Methanomassiliicoccus intestinalis</i> | Euryarchaeota | 0,000 | < 0,07 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 0,000

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

Las **Archaeas**, principalmente las metanogénicas, pueden ser componentes relativamente abundantes de la Microbiota gastrointestinal.

Methanobrevibacter smithii está reconocido como el metanógeno más abundante y, a menudo, exclusivo de la microbiota gastrointestinal humana. Otras Archaeas que pueden estar presentes en el intestino humano son: Methanaphaera stadtmaniae, Methanobacterium paludis, Methanosarcina barkeri, Methanospirillum hungatei, Methanomassiliicoccus luminyensis, Methanosarcina barkeri, etc.

Las Archaeas metanogénicas han sido ampliamente estudiadas, ya que el proceso de síntesis de metano a partir de dióxido de carbono e hidrógeno produce una importante eliminación de gases en el tracto gastrointestinal. El papel de las Archaeas metanogénicas podría ser particularmente relevante para la hinchazón, que es uno de los síntomas en algunos síndromes del intestino irritable.

El metano es irritativo para las células epiteliales de la mucosa intestinal. Altera la motilidad intestinal ya que varía la forma de contracción del músculo liso del intestino, esto puede producir estreñimiento, haciendo que los alimentos permanezcan más tiempo en el intestino. También el aumento de las arqueas puede producir una desconjugación de los ácidos biliares.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE SULFURO DE HIDRÓGENO

Resultado: ALTO

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|------------------------|----------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Alistipes</i> | Bacteroidetes | 10,190 | 0,25 - 2 | Alto |
| <i>Salmonella sp.</i> | | 0,070 | < 0,01 | Alto |
| <i>Campylobacter</i> | Proteobacteria | 0,050 | < 0,01 | Alto |
| <i>Treponema</i> | Spirochaetes | 0,040 | < 0,01 | Alto |
| <i>Shewanella</i> | Proteobacteria | 0,030 | < 0,01 | Alto |

| | | | | |
|---|----------------|-------|-------------|---------------|
| <i>Fusobacterium</i> | Fusobacteria | 0,030 | < 0,01 | Alto |
| <i>Collinsella aerofaciens</i> | Actinobacteria | 0,420 | 0,08 - 2,45 | Normal |
| <i>Odoribacter splanchnicus</i> | Bacteroidetes | 0,030 | 0,01 - 1 | Normal |
| <i>Desulfotobacterium hafniense</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Enterobacter cloacae</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,1 | Normal |
| <i>Klebsiella pneumoniae</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Desulfovibrio piger</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Desulfovibrio desulfuricans</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Desulfosporosinus meridiei</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Desulfotomaculum reducens</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Desulfotomaculum ruminis</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Desulfovibrio hydrothermalis</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Citrobacter portucalensis</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,02 | No presente |
| <i>Desulfobulbus oralis</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Citrobacter freundii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,02 | No presente |
| <i>Desulfobacula toluolica</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfurella acetivorans</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfotobacterium dehalogenans</i> | Firmicutes | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfurivibrio alkaliphilus</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfuromonas sp. DDH964</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfatibacillum aliphaticivorans</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfococcus oleovorans</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Archaeoglobus fulgidus</i> | Archaea | 0,000 | < 0,001 | No presente |
| <i>Desulfovibrio alaskensis</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfomicrobium orale</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfocapsa sulfexigens</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Caldivirga maquilensis</i> | Archaea | 0,000 | < 0,001 | No presente |
| <i>Desulfovibrio vulgaris</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Desulfotalea psychrophila</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Thermococcus profundus</i> | Archaea | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: **10,910**

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

Las bacterias reductoras de sulfato producen sulfuro de hidrógeno (gas con olor a huevos podridos). Este gas, a niveles elevados, es tóxico para la mucosa intestinal, puede causar diarreas y estreñimiento a nivel de intestino grueso. También puede contribuir a la aparición de enfermedades gastrointestinales como el síndrome del intestino irritable (SII), la enfermedad inflamatoria intestinal, etc.

Cuando los niveles de la microbiota productora de sulfuro de hidrógeno están elevados, pueden ser indicativo de un LIBO de sulfuro de hidrógeno. Cuando los niveles están bajos descarta el LIBO. En caso de sospecha de LIBO tendría que consultar con su facultativo para un posible tratamiento.

MICROBIOTA PRODUCTORA DE ETANOL

Resultado: NORMAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--|------------------|-----------|----------------|---------------|
| <i>Clostridium saccharobutylicum</i> | Firmicutes | 0,020 | < 0,02 | Alto |
| <i>[Clostridium] scindens</i> | Firmicutes | 0,440 | < 0,5 | Normal |
| <i>Collinsella aerofaciens</i> | Actinobacteria | 0,420 | 0,08 - 2,45 | Normal |
| <i>Clostridium butyricum</i> | Firmicutes | 0,050 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Clostridium pasteurianum</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Normal |
| <i>Klebsiella pneumoniae</i> | Proteobacteria | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Escherichia coli</i> | Proteobacteria | 0,430 | 0,5 - 1 | Bajo |
| <i>Clostridium acetobutylicum</i> | Firmicutes | 0,010 | 0,01 - 0,1 | Bajo |
| <i>Klebsiella oxytoca</i> | | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Candida parapsilosis</i> | Saccharomycotina | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Candida albicans</i> | Saccharomycotina | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Citrobacter freundii</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,02 | No presente |
| <i>Saccharomyces cerevisiae</i> | Saccharomycotina | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Schizosaccharomyces pombe</i> | Taphrinomycotina | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Scheffersomyces stipitis</i> | Saccharomycotina | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Pichia kudriavzevii</i> | Saccharomycotina | 0,000 | < 0,01 | No presente |
| <i>Zymomonas mobilis</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | No presente |

Porcentaje relativo de la Microbiota bacteriana: 1,390

La suma es relativa a la pertenencia entre géneros, especies y subespecies.
Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

El sobrecrecimiento de bacterias y levaduras productoras de etanol, a partir de los azúcares de los alimentos ingeridos, pueden provocar el conocido 'Síndrome de la cervecera interna' que genera una condición constante de embriaguez.

III. Bacterias bucales

BACTERIAS BUCALES PRESENTES EN LA MUESTRA FECAL

Resultado

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|--|----------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Prevotella melaninogenica</i> | Bacteroidetes | 0,020 | < 0,24 | Normal |
| <i>Prevotella intermedia</i> | Bacteroidetes | 0,010 | < 0,07 | Normal |
| <i>Prevotella ruminicola</i> | Bacteroidetes | 0,010 | < 0,06 | Normal |
| <i>[Eubacterium] sulci</i> | Firmicutes | 0,010 | < 0,01 | Normal |
| <i>Prevotella dentalis</i> | Bacteroidetes | 0,010 | < 0,08 | Normal |
| <i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i> | Proteobacteria | 0,000 | < 0,01 | Normal |
| <i>Prevotella enoeca</i> | Bacteroidetes | 0,000 | < 0,01 | Normal |

Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

Se han detectado bacterias propias de la mucosa bucal en la muestra fecal. La Microbiota desempeña un papel central en la salud y la enfermedad humana al moldear el desarrollo inmune, las respuestas inmunitarias, el metabolismo, y al proteger de patógenos invasores. Algunas cepas de *Prevotella* pueden ser patobiontes clínicamente importantes que pueden participar en enfermedades humanas al promover la inflamación crónica. El aumento de *Prevotella* en las mucosas (entre ellas la bucal) se ha asociado con enfermedades localizadas y sistémicas, que incluyen periodontitis, vaginosis bacteriana, artritis reumatoide, trastornos metabólicos e inflamación sistémica de bajo grado.

Prevotella aumentada está asociada con la inflamación de la mucosa mediante la diseminación sistémica de mediadores inflamatorios, bacterias y productos bacterianos, que a su vez pueden afectar los resultados de la enfermedad sistémica. Los experimentos de colonización realizados en estudios con ratones apoyan el papel causal de *Prevotella*, ya que promueven las características clínicas e inflamatorias de las enfermedades humanas. Cuando se comparan con las bacterias comensales estrictas, *Prevotella* presenta un aumento de las propiedades inflamatorias, como lo demuestra la liberación aumentada de mediadores inflamatorios de las células inmunes y varias células estromales.

IV. Patógenos

BACTERIAS PATÓGENAS PRESENTES EN LA MUESTRA FECAL

Resultado

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|-----------------------------------|----------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Shigella flexneri</i> | Proteobacteria | 0,820 | 0 - 0,01 | Alto |
| <i>Eggerthella lenta</i> | Actinobacteria | 0,620 | 0,01 - 0,04 | Alto |
| <i>Enterocloster bolteae</i> | Firmicutes | 0,330 | 0 - 0,07 | Alto |
| <i>Clostridioides difficile</i> | Firmicute | 0,180 | 0 - 0,01 | Alto |
| <i>Clostridium perfringens</i> | Firmicutes | 0,110 | 0 - 0,01 | Alto |
| <i>Salmonella</i> | Proteobacteria | 0,110 | 0 - 0,01 | Alto |
| <i>Clostridium botulinum</i> | Firmicute | 0,090 | 0 - 0,01 | Presente |
| <i>Dialister pneumosintes</i> | Firmicute | 0,090 | 0 - 0,01 | Presente |
| <i>[Clostridium] innocuum</i> | | 0,070 | 0 - 0,01 | Presente |
| <i>Haemophilus parainfluenzae</i> | Proteobacteria | 0,040 | 0 - 0,01 | Presente |
| <i>Salmonella enterica</i> | Bacteroidetes | 0,040 | 0 - 0,01 | Presente |
| <i>Helicobacter pylori</i> | Proteobacteria | 0,010 | 0 - 0,01 | Presente |
| <i>Campylobacter jejuni</i> | Proteobacteria | 0,010 | 0 - 0,01 | Presente |
| <i>Fusobacterium nucleatum</i> | Fusobacteria | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Klebsiella pneumoniae</i> | Proteobacteria | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Providencia rettgeri</i> | Proteobacteria | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Fusobacterium ulcerans</i> | Fusobacteria | 0,000 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Morganella morganii</i> | Proteobacteria | 0,000 | 0 - 0,01 | Normal |

Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

Eggerthella lenta es una bacteria que puede producir bacteriemias por traslocación de la bacteria del tracto gastrointestinal a la sangre. Con frecuencia se encuentra en bacteriemias en pacientes con neoplasias intestinales, patologías genitourinarias o infecciones postquirúrgicas.

Clostridium innocuum es un anaerobio, no móvil, bacteria gram-positiva que se reproduce por esporulación. *C. innocuum* es el tercer clostridium más comúnmente aislado en infecciones por clostridios extraintestinales (EICI). Aunque normalmente no se considera un patógeno humano agresivo, se ha aislado en algunos procesos patológicos. *C. innocuum* recubren la orofaringe y el tracto gastrointestinal y se consideran flora intestinal normal.

Aunque los *Clostridium innocuum* suelen estar presentes y son inofensivos en personas sanas, se han aislado en diversas infecciones y predominantemente en pacientes inmunodeprimidos como bacterias oportunistas.

Klebsiella oxytoca es una especie bacteriana Gram-negativa, indol positiva, capaz de crecer en melecitosa, y no en 3-hidroxitbutirato. Es una bacteria patógena que puede ocasionar infección y enfermedad en humanos. *Klebsiella oxytoca*, se aísla en raras ocasiones en casos de bacteriemia. La mayor parte de las infecciones por *Klebsiella oxytoca* son infecciones urinarias o de vías biliares, en muchas ocasiones son infecciones polimicrobianas, o adquiridas en el hospital, especialmente en pacientes diabéticos, tratados con antibióticos anteriormente o que presentan alguna enfermedad previa de gravedad.

Citrobacter koseri, patógeno oportunista de pacientes humanos inmunodeprimidos que se ha identificado como causante de infecciones del tracto urinario y se encuentran en heridas, vías respiratorias, meningitis, sepsis, miocarditis. *C. koseri* ha causado frecuentes brotes nosocomiales de meningitis neonatal. En varios casos, los brotes han ido acompañados de altas tasas de colonización intestinal por el organismo en los bebés y por el transporte de la bacteria en las manos de los trabajadores de la salud.

Shigella flexneri es una bacteria con forma de bacilo perteneciente a la familia Enterobacteriaceae, son Gram negativas, inmóviles, no formadoras de esporas e incapaces de fermentar la lactosa, que pueden ocasionar diarrea en los seres vivos.

Son coliformes fecales anaerobias facultativas con fermentación ácido-mixta.

Enterocloster bolteae es una bacteria patógena humana mesófila anaerobia que se aisló de muestras fecales de niños con TEA. Los diversos estudios han señalado la posibilidad de que este tipo de microbios afecten el comportamiento a través de la producción de metabolitos neurotóxicos que alteren el eje intestino-cerebro.

Clostridioides difficile es una bacteria comensal del intestino humano. En pequeño número, no tiende a causar daños de significado clínico. Los antibióticos en especial los de amplio espectro, causan un desequilibrio de la flora intestinal, llevando a una sobrepoblación por el C. difficile. Ello conlleva a la colitis pseudomembranosa. También en los últimos estudio se ha demostrado que esta bacteria es productora de p-cresol. Esta sustancia ejerce una acción selectiva sobre determinadas bacterias comensales afectando a su mecanismo de reproducción. Y en última instancia promoviendo la disbiosis intestinal.

CEPAS PATÓGENAS DE ESCHERICHIA COLI PRESENTES EN LA MUESTRA FECAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|------------------------|------|-----------|----------------|------------|
|------------------------|------|-----------|----------------|------------|

Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

V. Hongos

HONGOS PRESENTES EN LA MUESTRA FECAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|---------------------------------|----------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Fusarium oxysporum</i> | sordariomyceta | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Neurospora crassa</i> | sordariomyceta | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Fusarium fujikuroi</i> | sordariomyceta | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Botrytis cinerea</i> | sordariomyceta | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Blumeria graminis</i> | sordariomyceta | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Aspergillus nidulans</i> | leotiomyceta | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Parastagonospora nodorum</i> | dothideomyceta | 0,010 | 0 - 0,01 | Normal |

Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

VI. Parásitos

PARÁSITOS PRESENTES EN LA MUESTRA FECAL

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|----------------------------------|--------------------|-----------|----------------|------------|
| <i>Haemonchus contortus</i> | Haemonchidae | 0,04 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Discoba</i> | | 0,03 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Plasmodium relictum</i> | Plasmodiidae | 0,02 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Strongyloides stercoralis</i> | Strongyloididae | 0,02 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Plasmodium yoelii</i> | Plasmodiidae | 0,02 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Plasmodium malariae</i> | Plasmodiidae | 0,02 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Hymenolepis microstoma</i> | Hymenolepididae | 0,01 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Plasmodium reichenowi</i> | Plasmodiidae | 0,01 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Dientamoeba fragilis</i> | Monocercomonadidae | 0,01 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Neospora caninum</i> | Sarcocystidae | 0,01 | 0 - 0,01 | Normal |

Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

VII. Virus y fagos

Resultado

| Especies / subespecies | Filo | Valor [%] | Referencia [%] | Valoración |
|---|--|-----------|----------------|------------|
| <i>uncultured human fecal virus</i> | environmental samples | 0,44 | 0 - 0,01 | Alto |
| <i>Faecalibacterium virus Brigit</i> | | 0,04 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Escherichia phage Mu</i> | Caudovirales/ unclassified Myoviridae/ | 0,04 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Faecalibacterium phage FP_Brigit</i> | Caudovirales/ unclassified Myoviridae/ | 0,04 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Escherichia virus Mu</i> | Caudovirales/ unclassified Myoviridae/ | 0,04 | 0 - 0,01 | Presencia |
| <i>Bacteriophage sp.</i> | unclassified bacterial viruses | 0,01 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Faecalibacterium virus Oengus</i> | | 0,01 | 0 - 0,01 | Normal |
| <i>Faecalibacterium phage FP_oengus</i> | | 0,01 | 0 - 0,01 | Normal |

Al final del informe se indica el total potencial de microorganismos detectables.

Descripción

El **viroma intestinal humano** es la colección total de virus y fagos presente en el intestino humano. Los virus carecen de organización celular y no son microbios. No tienen vida extracelular. Los virus pueden infectar tanto las células humanas como a los microbios de nuestro Microbioma (bacteriófagos). Algunos virus pueden causar enfermedades, mientras que otros pueden ser asintomáticos. Estas entidades pueden influenciar el equilibrio entre la salud y la enfermedad porque estamos continuamente expuestos a numerosos virus que entran a través del aire, los alimentos y el contacto con otras personas, animales o plantas.

Los virus bacterianos o bacteriófagos, que están especializados en atacar bacterias, representan la mayoría de las partículas víricas presentes en el lumen intestinal humano. La contribución potencial de los bacteriófagos, al mantenimiento de la salud humana, por su capacidad de eliminar comunidades bacterianas patógenas, influenciarán nuestros conceptos sobre la salud y la enfermedad.

TÉCNICA USADA EN ESTE ANÁLISIS

Análisis metagenómico clínico de datos masivos in-silico de alta resolución, a partir de secuenciación de ácidos nucleicos con nanotecnología de última generación sobre muestras biológicas de la Microbiota Intestinal humana, y clasificación inteligente de especies y subespecies con Machine Learning y una base propia de conocimiento, entrenada a escala de Terabases de nucleótidos.

MICROORGANISMOS DETECTABLES CON ESTA TÉCNICA

Las tablas que contiene este informe describen los microorganismos que han sido detectados en la muestra del paciente y que están referenciadas bibliográficamente. Estas tablas se actualizan de forma continua en función de los avances de conocimiento de evidencia médica y las correspondientes publicaciones de la comunidad científica.

A la fecha de realización de este informe, el laboratorio tiene la capacidad potencial de detectar 75.083 microorganismos:

| | | | |
|-------------|--------|----------|--------|
| Arqueas : | 728 | Hongos : | 49.015 |
| Bacterias : | 20.709 | Virus : | 4.631 |

VALIDACIÓN DE LA TÉCNICA

La validación de nuestras pruebas ya está cubierta por una agencia independiente. De acuerdo con los criterios UNE-EN ISO / IEC 17043:2010 estándar para la realización de pruebas, ENAC otorga acreditación a la entidad técnica SEIMC (Sociedad Española de Enfermedades infecciosas y Microbiología clínica), que verifica mensualmente al Laboratorio Xenogene.

DERECHOS DE USO

Los resultados de este informe pueden ser usados por profesionales de salud únicamente para poder tratar individualmente al paciente.

El diseño, imágenes, nombre comercial, marcas, logos, servicios y contenidos relacionados con este informe se encuentran protegidos por la Ley de Propiedad industrial o intelectual y son propiedad del Laboratorio Xenogene, sin que pueda entenderse que el uso atribuya al Usuario derecho alguno.

El Usuario reconoce y acepta que su uso indebido queda terminantemente prohibido, así como su reproducción, comunicación y/o distribución, modificación, alteración o descompilación, parcial o completa, sin autorización del autor, ya sea con finalidades de uso personal, privado y no lucrativo o con fines comerciales o lucrativos.

El Laboratorio Xenogene se reserva la posibilidad de ejercer las acciones judiciales que correspondan contra los Usuarios que violen o infrinjan los derechos de propiedad intelectual e industrial.

PROTECCIÓN DE DATOS

Laboratorio Xenogene es el responsable del tratamiento de los datos personales proporcionados bajo su consentimiento y le informa que éstos serán tratados de conformidad con lo dispuesto en las normativas vigentes en protección de datos personales, el reglamento (UE) 2016/679 de 27 de abril de 2016 (GDPR), con la finalidad de gestionar los resultados de las pruebas clínicas solicitadas. Los datos se conservarán mientras exista una obligación legal, y cuando ya no sean necesarias se suprimirán con medidas de seguridad adecuadas, para garantizar una adecuada asistencia, así como para cumplir con la normativa vigente aplicable. Sus datos no serán cedidos, salvo en los casos obligados por Ley. Podrá ejercer sus derechos de acceso, rectificación, supresión, oposición, limitación del tratamiento de datos y portabilidad, en la medida que sean aplicables, a través de comunicación escrita al responsable del tratamiento de datos, en calle Tampa, 2 (29007) Málaga, concretando su solicitud junto con DNI o documento equivalente. Asimismo, le informamos de la posibilidad de presentar una reclamación ante la Agencia de Protección de Datos www.agpd.es.

Más información en XENOGENE.es