








Community state type (CST)

| CST 1 ● | CST 2 | CST 3 | CST 4 | CST 5 |
|---|-------|-------|-------|-------|
| <p>El <i>community state</i> tipo 1 se considera el más saludable, ya que se ha demostrado que es el que mejor previene infecciones como la vaginosis bacteriana, las infecciones de transmisión sexual y las infecciones del tracto urinario. También se ha demostrado que esta comunidad tiene el menor riesgo de sufrir otras complicaciones de salud, como infertilidad o parto prematuro.</p> <p>La bacteria clave del CST 1 es <i>Lactobacillus crispatus</i>, que aporta todos los beneficios de los lactobacilos y tiene la capacidad única de producir una gran cantidad de ambos tipos de ácido láctico (ácido L-láctico y ácido D-láctico). Ambos tipos son protectores, pero el ácido D-láctico garantiza que las microbiotas vaginales CST 1 mantengan un entorno ácido (con un pH inferior a 4,5) y puedan evitar con éxito que los patógenos se apoderen de ellas.</p> | | | | |

Bacterias que pueden afectar la salud vaginal

| | | |
|-----------------------|--------|--|
| Chlamydia trachomatis | Normal |  |
| Neisseria gonorrhoeae | Normal |  |
| Gardnerella vaginalis | Normal |  |
| Sneathia sanguinegens | Normal |  |
| Atopobium vaginae | Normal |  |
| Leptotrichia amnionii | Normal |  |
| Prevotella | Normal |  |



Nombre: EJEMPLO
Análisis: FEM
Fecha recepción de muestra:
Fecha emisión informe:

ID usuario:
Procedencia:
Número muestra:
Número informe:

Distribución entre géneros bacterianos

| | Abundancia relativa (%) |
|----------------------------|-------------------------|
| <i>Lactobacillus</i> | 85.25 |
| <i>Pseudomonas</i> | 10.71 |
| <i>Escherichia</i> | 2.43 |
| <i>Gardnerella</i> | 0.47 |
| <i>Limosilactobacillus</i> | 0.47 |
| <i>Delftia</i> | 0.39 |
| <i>Chryseobacterium</i> | 0.14 |
| <i>Salmonella</i> | 0.07 |
| <i>Acinetobacter</i> | 0.05 |

Distribución entre especies bacterianas

| | Abundancia relativa (%) |
|--------------------------------------|-------------------------|
| <i>Lactobacillus crispatus</i> | 85.01 |
| <i>Escherichia coli</i> | 2.11 |
| <i>Lactobacillus jensenii</i> | 1.72 |
| <i>Pseudomonas fluorescens</i> | 1.52 |
| <i>Lactobacillus gasseri</i> | 1.45 |
| <i>Pseudomonas azotoformans</i> | 1.05 |
| <i>Gardnerella vaginalis</i> | 0.51 |
| <i>Limosilactobacillus vaginalis</i> | 0.45 |
| <i>Pseudomonas simiae</i> | 0.43 |
| <i>Pseudomonas lurida</i> | 0.38 |



Nombre: EJEMPLO

Análisis: FEM

Fecha recepción de muestra:

Fecha emisión informe:

ID usuario:

Procedencia:

Número muestra:

Número informe:

Bibliografía

A. M., Ireland, D. J., & Payne, M. S. (2023). The Vaginal Microbiome in Health and Disease—What Role Do Common Intimate Hygiene Practices Play? *Microorganisms*, 11(2), 298. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11020298>
Lehtoranta

Barrientos-Durán, A., Fuentes-López, A., de Salazar, A., Plaza-Díaz, J., & García, F. (2020). Reviewing the Composition of Vaginal Microbiota: Inclusion of Nutrition and Probiotic Factors in the Maintenance of Eubiosis. *Nutrients*, 12(2), 419. <https://doi.org/10.3390/nu12020419>

Chen, X., Lu, Y., Chen, T., & Li, R. (2021). The Female Vaginal Microbiome in Health and Bacterial Vaginosis. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.631972>

Gudnadottir, U., Debelius, J. W., Du, J., Hugerth, L. W., Danielsson, H., Schuppe-Koistinen, I., Fransson, E., & Brusselaers, N. (2022). The vaginal microbiome and the risk of preterm birth: a systematic review and network meta-analysis. *Scientific Reports*, 12(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-022-12007-9> Holdcroft

L., Ala-Jaakkola, R., Laitila, A., & Maukonen, J. (2022). Healthy Vaginal Microbiota and Influence of Probiotics Across the Female Life Span. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.819958>

Este análisis es realizado mediante secuenciación masiva de muestras vaginales. Las muestras son procesadas por personal de Enteria realizándose una extracción de ADN y posterior secuenciación masiva de metagenoma completo. Los datos obtenidos son analizados por el equipo de microbiología y biotecnólogos de Enteria, quienes elaboran un reporte a medida de los resultados obtenidos. La asociación entre condiciones y microorganismos ha sido obtenida a partir de un extenso estudio constante de la literatura científica y puede sufrir cambios conforme nuevos estudios se publiquen. Es nuestro compromiso mantener la información actualizada constantemente para brindar la mejor interpretación de los resultados posible. El análisis realizado es de carácter informativo y los datos aquí mencionados no sustituyen al diagnóstico médico. Recuerde siempre consultar a su médico ante la aparición de síntomas asociados a cualquiera de estas condiciones.