

Indicadores generales

Enterotipo	I (B)	
Diversidad microbiana	Bajo	
Relación Bacteroidetes/Firmicutes	Bajo	
Relación bacterias productoras/consumidoras succinato	Normal	

Microbiota y nutrición

Bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta	Normal	
Bacterias proteolíticas	Normal	
Bacterias con funciones probióticas	Normal	
Bacterias asociadas al metabolismo de carbohidratos	Normal	
Bacterias asociadas al metabolismo del gluten	Alto	
Bacterias asociadas al metabolismo de la lactosa	Normal	

Microbiota y salud intestinal

Flatulencias e hinchazón	Normal	
Dolor abdominal	Normal	
Constipación	Normal	
Síndrome del intestino irritable	Normal	

Microorganismos indicadores de salud intestinal

<i>Akkermansia muciniphila</i>	Bajo	
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	Normal	
<i>Bifidobacterium</i>	Normal	
<i>Roseburia</i>	Alto	

Bacterias patógenas

<i>Bacteroides fragilis</i>	Normal	
<i>Campylobacter</i>	Normal	
<i>Clostridium difficile</i>	Normal	
<i>Salmonella enterica</i>	Normal	
<i>Vibrio cholerae</i>	Normal	

Microbiota vinculada a la producción de neurotransmisores

Relación productoras/consumidoras de GABA	Normal	
Metabolismo del triptófano		
<i>Bacterias productoras de indol</i>	Normal	
<i>Bacterias productoras de triptamina</i>	Alto	
<i>Bacterias productoras de ácido indol propiónico (IPA)</i>	Normal	
<i>Bacterias productoras de ácido indol acético (IAA)</i>	Normal	
<i>Bacterias productoras de quinurenina</i>	Normal	
<i>Bacterias productoras de quinolato</i>	Alto	

Hongos

Naganishia albida

Detectado

Parásitos

No detectado

Consideraciones generales

Indicadores generales

Enterotipo	El enterotipo 1 o enterotipo B (Bacteroides) se vincula con el consumo de proteínas y grasa animal. ¹
Diversidad microbiana	El valor de diversidad bacteriana se encuentra por debajo del esperado. Esto indicaría que habría una disbiosis intestinal. La pérdida de diversidad bacteriana es uno de los casos más frecuentes de disbiosis intestinal y en algunos casos se asocia a desórdenes metabólicos y distintos procesos inflamatorios. ^{2,3}
Bacteroidetes/Firmicutes	La relación Bacteroidetes/Firmicutes se encuentra por debajo del nivel esperado. Una baja relación Bacteroidetes/Firmicutes se asocia generalmente a personas que pueden desarrollar obesidad. ⁴

Microbiota y nutrición

Bacterias asociadas al metabolismo del gluten	El indicador de bacterias asociadas al metabolismo del gluten está por encima de lo normal. Esto podría indicar una intolerancia a esta proteína. El gluten puede ser metabolizado por diversas bacterias que forman parte de la microbiota intestinal. La imposibilidad de digerir correctamente esta proteína, en personas que sufren la enfermedad celíaca, produce modificaciones en la abundancia relativa de estos microorganismos. Muchas de estas modificaciones están asociadas con la manifestación clínica de los síntomas de este trastorno. ⁶
------------------------------------------------------	-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

Microorganismos indicadores de salud intestinal

<p><i>Akkermansia muciniphila</i></p>	<p><i>Akkermansia muciniphila</i> está vinculada a la producción de acetato, butirato y propionato, el aumento de la oxidación de ácidos grasos y la reducción de los niveles de inflamación intestinal. Cumple un rol importante en la disminución de permeabilidad intestinal. Se encuentra por debajo del rango de normalidad. Para aumentar la cantidad de <i>A. muciniphila</i> se puede administrar en forma oral fructooligosacáridos (oligofruktosa o FOS), un prebiótico común.⁷</p>
<p><i>Roseburia</i></p>	<p>El género <i>Roseburia</i> tiene cinco especies bien caracterizadas: <i>Roseburia intestinalis</i>, <i>Roseburia hominis</i>, <i>Roseburia inulinivorans</i>, <i>Roseburia faecis</i> y <i>Roseburia cecicola</i>. Todas producen ácidos grasos de cadena corta (AGCC), como acetato, propionato y butirato. La abundancia de <i>Roseburia spp.</i> evita las enfermedades inflamatorias y cáncer colorrectal. Para aumentar sus niveles se recomienda el consumo de carbohidratos no digeribles (ej. almidón resistente).⁸</p>

Microbiota vinculada a la producción de neurotransmisores

<p>Bacterias productoras de triptamina</p>	<p>Algunos microorganismos son capaces de producir triptamina a partir de triptófano. Se ha observado que la triptamina influye en la respuesta inhibitoria de las células a la serotonina y en la liberación de esta. Además, este compuesto tiene efectos sobre la regulación y modulación de diferentes procesos que involucran el sistema nervioso central como el sueño, la memoria y el comportamiento.^{9, 10}</p>
<p>Bacterias productoras de quinurenina y quinolinato</p>	<p>Algunos microorganismos pueden producir quinurenina y quinolinato a partir de triptófano. Estos compuestos pueden tener efectos sobre las funciones cerebrales y, en consecuencia, causar síntomas similares a la depresión. Además, se ha sugerido que el uso del triptófano del huésped por parte de la microbiota intestinal para producir quinurenina y quinolinato puede reducir la concentración de triptófano en sangre, lo que podría limitar la producción de neurotransmisores, como la serotonina.⁹</p>

Presencia de hongos

<i>Naganishia albida</i>	Se detecta la presencia de <i>Naganishia albida</i> . Este hongo es saprófito y rara vez se reporta como patógeno en humanos. Sin embargo, alojado en el intestino de pacientes de alto riesgo con comorbilidades debilitantes, puede ocasionar peritonitis. ¹¹
--------------------------	----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

Microorganismos que se alejan de los rangos de normalidad

<i>Escherichia coli</i>	Se observa una elevada abundancia relativa de <i>Escherichia coli</i> . Si bien la mayoría de las cepas de <i>E. coli</i> no son patógenas, se espera un valor de no más de 1 %. Distintas cepas de <i>E. coli</i> pueden estar implicadas en procesos inflamatorios del intestino. ¹⁴
-------------------------	---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

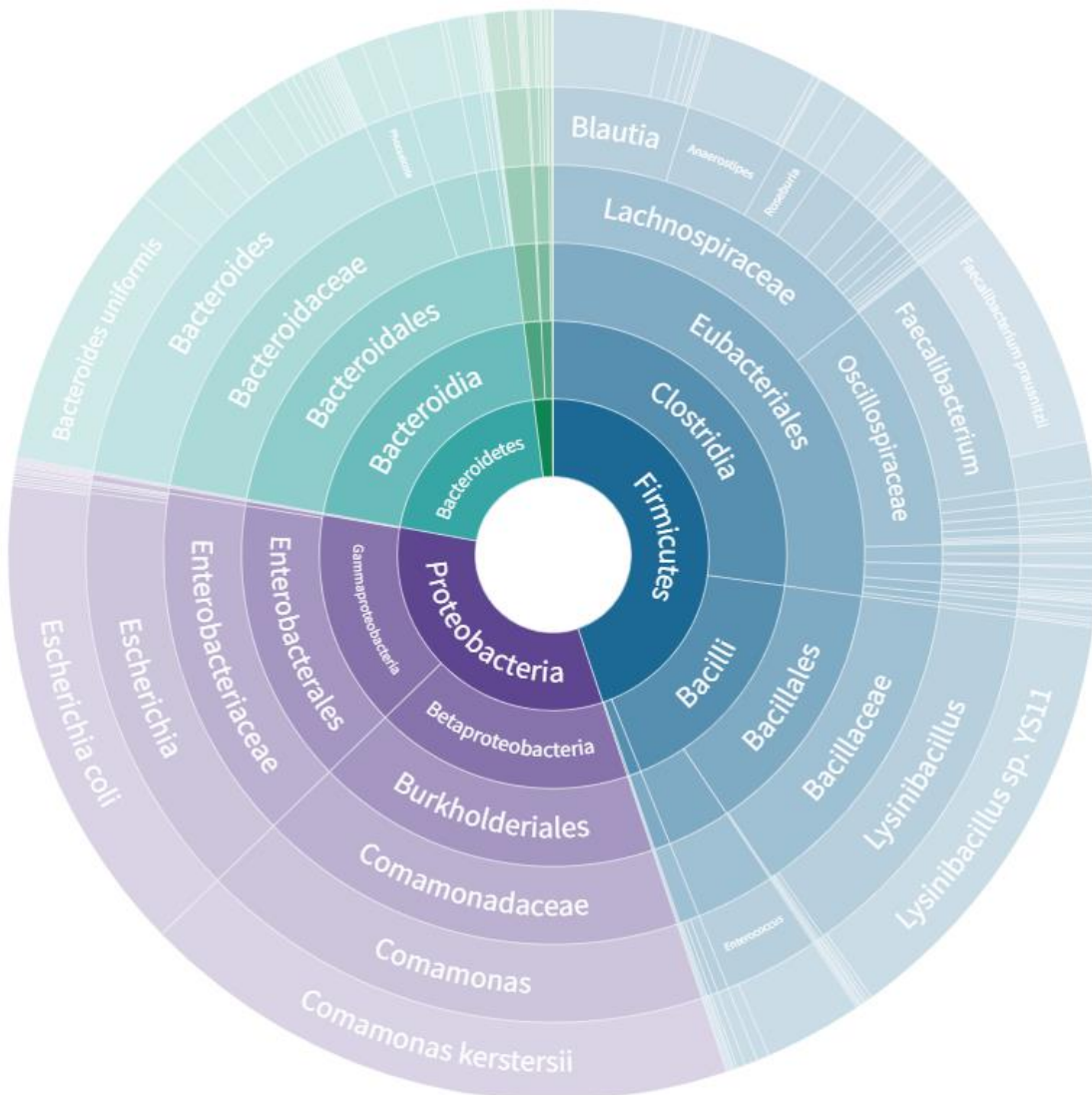
Es importante destacar que estas recomendaciones son de carácter general, no contemplan la historia clínica del cliente. Siempre consulte a su médico a la hora de hacer intervenciones dietarias.

1. Nature, 473(7346), 174–180
2. Frontiers in nutrition, 8, 637010
3. Frontiers in Microbiology, 7, 455
4. Microorganisms. 2020 Nov 1;8(11):1715
5. Critical reviews in food science and nutrition, 58(8), 1243–1249
6. Nutrients, 11(10), 2375
7. Journal of functional foods, 33, 194–201
8. Front. Cell. Infect. Microbiol., 22 November 2021
9. Frontiers in Neuroscience, 13, 1365 (2019)
10. Current Neuropharmacology, 2015, 13, 26-46
11. J. Fungi 2021, 7(4), 279
12. Gastroenterol Hepatol Bed Bench 2016;9(4):325-330
13. Gut 2022;71:534–543
14. Gut, 56(5), 610–612
15. Pathogens 2022, 11, 1032

Anexos

Composición bacteriana de la muestra

Haga click sobre la figura para ingresar a la visualización interactiva



Distribución entre filos bacterianos

	Abundancia relativa (%)
Firmicutes	43.89
Proteobacteria	33.1
Bacteroidetes	19.66
Actinobacteria	2.75
Fusobacteria	0.12
Tenericutes	0.09
Verrucomicrobia	0.09
Chlorobi	0.07
Cyanobacteria	0.07
Spirochaetes	0.06
Deinococcus-Thermus	0.06
Euryarchaeota	0.06

Distribución entre géneros bacterianos

	Abundancia relativa (%)
<i>Comamonas</i>	16.81
<i>Bacteroides</i>	15.78
<i>Escherichia</i>	13.94
<i>Lysinibacillus</i>	12.33
<i>Faecalibacterium</i>	7.91
<i>Blautia</i>	4.5
<i>Anaerostipes</i>	3.29
<i>Enterococcus</i>	3.25
<i>Parabacteroides</i>	1.9
<i>Phocaeicola</i>	1.59
<i>Roseburia</i>	1.51
<i>Anaerobutyricum</i>	1.37
<i>Bifidobacterium</i>	1.23
<i>Lachnoclostridium</i>	1.01
<i>Odoribacter</i>	0.66
<i>Mediterraneibacter</i>	0.56
<i>Clostridium</i>	0.52
<i>Dysosmobacter</i>	0.48
<i>Enterocloster</i>	0.44
<i>Paenibacillus</i>	0.42
<i>Lachnospira</i>	0.41
<i>Bacillus</i>	0.39
<i>Pseudomonas</i>	0.39
<i>Ruthenibacterium</i>	0.37

<i>Intestinimonas</i>	0.37
<i>Longibaculum</i>	0.36
<i>Paeniclostridium</i>	0.34
<i>Clostridioides</i>	0.34
<i>Oscillibacter</i>	0.34
<i>Christensenella</i>	0.33
<i>Eggerthella</i>	0.3
<i>Flavonifractor</i>	0.28
<i>Streptococcus</i>	0.28
<i>Alistipes</i>	0.23
<i>Faecalibacillus</i>	0.22
<i>Eubacterium</i>	0.22
<i>Flintibacter</i>	0.2
<i>Shigella</i>	0.2
<i>Lacrimispora</i>	0.17
<i>Butyrivibrio</i>	0.16
<i>Hungatella</i>	0.16
<i>Massilistercora</i>	0.14
<i>Erysipelatoclostridium</i>	0.14
<i>Pseudobutyrvibrio</i>	0.14
<i>Adlercreutzia</i>	0.14
<i>Klebsiella</i>	0.14
<i>Ruminococcus</i>	0.14
<i>Citrobacter</i>	0.12
<i>Butyricimonas</i>	0.12
<i>Collinsella</i>	0.11
<i>Streptomyces</i>	0.11

<i>Gordonibacter</i>	0.11
<i>Selenomonas</i>	0.11
<i>Anaerocolumna</i>	0.11
<i>Rothia</i>	0.09
<i>Corynebacterium</i>	0.09
<i>Enterobacter</i>	0.08
<i>Bradyrhizobium</i>	0.08
<i>Staphylococcus</i>	0.08
<i>Cytobacillus</i>	0.08
<i>Aeromonas</i>	0.08
<i>Leptotrichia</i>	0.08
<i>Chryseobacterium</i>	0.06
<i>Brevibacillus</i>	0.06
<i>Aliarcobacter</i>	0.06
<i>Anaerotignum</i>	0.06
<i>Amedibacterium</i>	0.06
<i>Priestia</i>	0.06
<i>Phascolarctobacterium</i>	0.06
<i>Pseudodesulfovibrio</i>	0.06
<i>Stenotrophomonas</i>	0.06
<i>Paraprevotella</i>	0.06
<i>Megasphaera</i>	0.06
<i>Ethanoligenens</i>	0.06
<i>Vibrio</i>	0.06
<i>Lentibacillus</i>	0.06
<i>Deinococcus</i>	0.06
<i>Mageibacillus</i>	0.06

<i>Akkermansia</i>	0.06
<i>Slackia</i>	0.06
<i>Desulfovibrio</i>	0.05
<i>Campylobacter</i>	0.05
<i>Salmonella</i>	0.05
<i>Burkholderia</i>	0.05
<i>Pectobacterium</i>	0.05
<i>Rhodococcus</i>	0.05
<i>Barnesiella</i>	0.05
<i>Neisseria</i>	0.05
<i>Fusobacterium</i>	0.05
<i>Actinomyces</i>	0.05
<i>Providencia</i>	0.05
<i>Virgibacillus</i>	0.05
<i>Romboutsia</i>	0.05
<i>Spiroplasma</i>	0.05
<i>Lactococcus</i>	0.05
<i>Elizabethkingia</i>	0.05
<i>Achromobacter</i>	0.05
<i>Mesorhizobium</i>	0.05
<i>Neobacillus</i>	0.05
<i>Olsenella</i>	0.05
<i>Treponema</i>	0.05

Abundancia relativa de las bacterias detectadas

	Abundancia relativa (%)
<i>Comamonas kerstersii</i>	17.91
<i>Escherichia coli</i>	14.28
<i>Lysinibacillus sp. YS11</i>	12.93
<i>Bacteroides uniformis</i>	8.61
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	7.32
<i>Blautia sp. SC05B48</i>	3.31
<i>Anaerostipes hadrus</i>	3.26
<i>Enterococcus faecium</i>	2.93
<i>Parabacteroides distasonis</i>	1.63
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	1.46
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	1.33
<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	1.12
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.98
<i>Roseburia intestinalis</i>	0.87
<i>Phocaeicola dorei</i>	0.85
<i>Bacteroides sp. A1C1</i>	0.83
<i>Bacteroides ovatus</i>	0.82
<i>Bacteroides sp. HF-162</i>	0.78
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	0.77
<i>Roseburia hominis</i>	0.72
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	0.7
<i>[Ruminococcus] gnavus</i>	0.6
<i>Bacteroides fragilis</i>	0.58
<i>Blautia producta</i>	0.57
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.57

<i>Dysosmobacter welbionis</i>	0.52
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.47
<i>Enterocloster bolteae</i>	0.47
<i>Lachnospira eligens</i>	0.43
<i>Bifidobacterium longum</i>	0.42
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	0.4
<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	0.4
<i>Longibaculum sp. KGMB06250</i>	0.38
<i>Enterococcus durans</i>	0.37
<i>Paeniclostridium sordellii</i>	0.37
<i>Clostridioides difficile</i>	0.37
<i>Blautia argi</i>	0.3
<i>Flavonifractor plautii</i>	0.3
<i>Lachnoclostridium phocaense</i>	0.27
<i>Blautia hansenii</i>	0.27
<i>Christensenella minuta</i>	0.27
<i>Bacteroides sp. CACC 737</i>	0.27
<i>Bacteroides zhangwenhongii</i>	0.27
<i>Bacteroides intestinalis</i>	0.27
<i>Eggerthella lenta</i>	0.23
<i>Faecalibacillus intestinalis</i>	0.23
<i>Bacteroides helcogenes</i>	0.22
<i>Flintibacter sp. KGMB00164</i>	0.22
<i>Oscillibacter valericigenes</i>	0.18
<i>Lacrimispora saccharolytica</i>	0.18
<i>Oscillibacter sp. PEA192</i>	0.18
<i>Anaerostipes caccae</i>	0.17

<i>Parabacteroides sp. CT06</i>	0.17
<i>Hungatella hathewayi</i>	0.17
<i>Blautia liquoris</i>	0.15
<i>Pseudobutyrvibrio xylanivorans</i>	0.15
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	0.15
<i>Massilistercora timonensis</i>	0.15
<i>Butyrvibrio proteoclasticus</i>	0.13
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	0.13
<i>Butyricimonas faecalis</i>	0.13
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.12
<i>Gordonibacter urolithinifaciens</i>	0.12
<i>Eubacterium sp. NSJ-61</i>	0.12
<i>Bacteroides zoogloformans</i>	0.12
<i>Bacteroides sp. CBA7301</i>	0.12
<i>Lachnoclostridium sp. YL32</i>	0.1
<i>Citrobacter freundii</i>	0.1
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.1
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	0.1
<i>Shigella dysenteriae</i>	0.1
<i>Bacillus cereus</i>	0.1
<i>Ruminococcus bicirculans</i>	0.1
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	0.1
<i>Blautia pseudococcoides</i>	0.08
<i>Clostridium perfringens</i>	0.08
<i>Bacteroides caecimuris</i>	0.08
<i>Shigella boydii</i>	0.08
<i>Bacteroides heparinolyticus</i>	0.08

<i>Escherichia marmotae</i>	0.08
<i>Christensenella sp. Marseille-P3954</i>	0.08
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.08
<i>Cytobacillus ciccensis</i>	0.08
<i>Bacteroides caccae</i>	0.08
<i>Eggerthella guodeyinii</i>	0.08
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	0.08
<i>Clostridium sp. SY8519</i>	0.08
<i>Alistipes indistinctus</i>	0.07
<i>Lachnoclostridium phytofermentans</i>	0.07
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.07
<i>Amedibacterium intestinale</i>	0.07
<i>Anaerostipes propionicum</i>	0.07
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	0.07
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	0.07
<i>Mageeibacillus indolicus</i>	0.07
<i>Rothia mucilaginosa</i>	0.07
<i>Anaerostipes rhamnosivorans</i>	0.07
<i>Clostridium butyricum</i>	0.07
<i>Paenibacillus sp. JNUCC-32</i>	0.07
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	0.07
<i>Eubacterium limosum</i>	0.07
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	0.07
<i>Aliarcobacter butzleri</i>	0.05
<i>Anaerocolumna sedimenticola</i>	0.05
<i>Selenomonas sp. oral taxon 920</i>	0.05
<i>Priestia flexa</i>	0.05

<i>Alistipes finegoldii</i>	0.05
<i>Pseudomonas stutzeri</i>	0.05
<i>Pseudodesulfovibrio aespoeensis</i>	0.05
<i>Barnesiella viscericola</i>	0.05
<i>Clostridium pasteurianum</i>	0.05
<i>Erysipelatoclostridium ramosum</i>	0.05
<i>Adlercreutzia hattorii</i>	0.05
<i>Lentibacillus amyloliquefaciens</i>	0.05
<i>Bifidobacterium eulemuris</i>	0.05
<i>Romboutsia sp. CE17</i>	0.05
<i>Bacteroides luhongzhouii</i>	0.05
<i>Salmonella enterica</i>	0.05
<i>Pseudomonas putida</i>	0.05
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.05
<i>Bifidobacterium animalis</i>	0.05
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.05
<i>Bacillus thuringiensis</i>	0.05
<i>Pseudomonas mendocina</i>	0.05



Nombre: Ejemplo
Análisis: Plus
Fecha Recepción Muestra:
Fecha Emisión Informe:

Id Usuario:
Procedencia:
Número Muestra:
Número de Informe:

Este análisis es realizado mediante secuenciación masiva de muestras fecales. 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.