



# Microbioma Intestinal Clínico

## ¿QUÉ ES?

Análisis de la microbiota bacteriana presente en el intestino mediante una muestra de heces para determinar si existe una disbiosis, desequilibrio en la microbiota.

Una disbiosis puede provocar que no se lleven a cabo ciertas funciones metabólicas o que proliferen algún patógeno oportunista al no haber otra bacteria que se lo impida.

## ¿PARA QUÉ PACIENTES RESULTA ÚTIL?

- Pacientes con obesidad y/o enfermedades metabólicas: Diabetes Mellitus 2, dislipemia, hipertensión, esteatohepatitis no alcohólica (NASH), etc.
- Pacientes con patologías gastrointestinales: infecciones gastrointestinales, diarrea por uso de antibióticos, enfermedad inflamatoria intestinal, síndrome de intestino irritable, cáncer de colon, etc.
- Pacientes con autismo, depresión y ansiedad.

Función	Género	Valores de referencia (%) <sup>*</sup>	Porcentaje (%)
Muconutritiva	Akkermansia	>0.5	1,62
	Faecalibacterium	>5	5,97
	Roseburia	>2	0,77
Protectoras	Bifidobacterium	>0.5	7,45
	Lactobacillus	>0.5	0,877
Inmunomoduladoras	Enterococcus	0.1-0.5	0,024
	Staphylococcus	<0.5	0
	Escherichia	0.1-1	0,022
Proteolíticas	E.coli	<0.5	0
	Clostridium	<2	0,17
	Enterobacter	<0.1	0
	Pseudomonas	<0.1	0

\* Los valores de referencia han sido obtenidos del estudio (Segata et al., 2012) llevado a cabo por el consorcio Human Microbiome Project (HMP). La información disponible hasta la fecha tan sólo nos permite establecer rangos a nivel de género para la mayoría de las bacterias.

## BENEFICIOS

Cada humano tiene su propio microbioma, es como una huella y el objetivo es conocerlo y corregirlo en el caso de un desequilibrio con la dieta.

Este estudio se considera una herramienta muy útil para corregir los desequilibrios de la microbiota intestinal a través de la dieta, suplementos nutricionales y/o fármacos.

## ¿QUÉ ANALIZA?

El análisis determina todos los géneros bacterianos presentes en el microbioma digestivo del individuo mediante ultrasecuenciación de 16S rRNA (RNA ribosomal 16S). Posteriormente lo compara con el resto de microbiomas sanos secuenciados hasta la fecha a través de un análisis bioinformático comparativo.

Se informa de las especies bacterianas más relevantes y el efecto de las mismas.

Especies	Porcentaje (%)	Propiedades
Bacteroides coprocola	9,313	☹️
Faecalibacterium prausnitzii	5,972	✅
Bifidobacterium adolescentis	5,5	✅
Ruminococcus bromii	3,683	✅
Blautia obeum	2,828	-
Blautia luti	2,761	-
Gemmiger formicilis	2,346	-
Bacteroides vulgatus	2,271	☹️
Anaerostipes hadrus	2,265	-
Phascolarctobacterium faecium	2,078	✅
Blautia wexlerae	2,062	-
Ruminococcus faecis	1,856	-
Eubacterium rectale	1,837	✅
Bacteroides eggerthii	1,769	✅
Fusicatenibacter saccharivorans	1,742	✅
Akkermansia muciniphila	1,621	✅
Bifidobacterium longum	1,59	✅
Eubacterium hallii	1,534	✅
Collinsella aerofaciens	1,481	✅
Dorea longicatena	1,44	✅
Bacteroides caccae	1,185	☹️
Bacteroides xylanisolvens	1,135	✅
Clostridium spiroforme	1,108	☹️
Coprococcus eutactus	1,102	✅

**MUESTRA**  
Heces

**VOLUMEN** Kit de recogida específico  
(Solicitar al Laboratorio)

**CONSERVACIÓN MUESTRA**  
4°C

**PLAZO DE ENTREGA** (\*Puede sufrir variaciones)  
30 días laborables