

**Test
Microbiota
Intestinal**



¿Qué es el Test Metagenómico de Microbiota Intestinal?	2
¿Cómo interpretar los resultados?	2
Evaluación global de la microbiota	4
Resumen global de resultados	4
Composición general de la microbiota	6
Distribución filo	6
Distribución géneros	7
Resultados a nivel de especie	7
Lista de parásitos	7
Patógenos bacterianos	8
Cepas de E.coli	8
Hongos y levaduras	9
Virus de ADN detectados	9
Tabla de resistencias a antibióticos	9
Especies predominantes	10
Evaluación funcional de la microbiota	13
Compuestos prebióticos recomendados	19
Anexo	20
Características del análisis metagenómico	20
¿Cómo interpretar los resultados?	22
Descripción taxonómica	22
Infección	23
Grupos funcionales	23
Listado completo de especies detectadas	45
Glosario	60
Glosario	60

¿Qué es el Test Metagenómico de Microbiota Intestinal?

Nuestro test te permite descubrir cómo está formado tu ecosistema intestinal: qué microorganismos viven en él y qué funciones podrían desempeñar. Para lograrlo, utilizamos secuenciación genómica de tercera generación (long-reads), una tecnología que analiza todo el ADN microbiano de la muestra y permite identificar especies con una precisión excepcional.

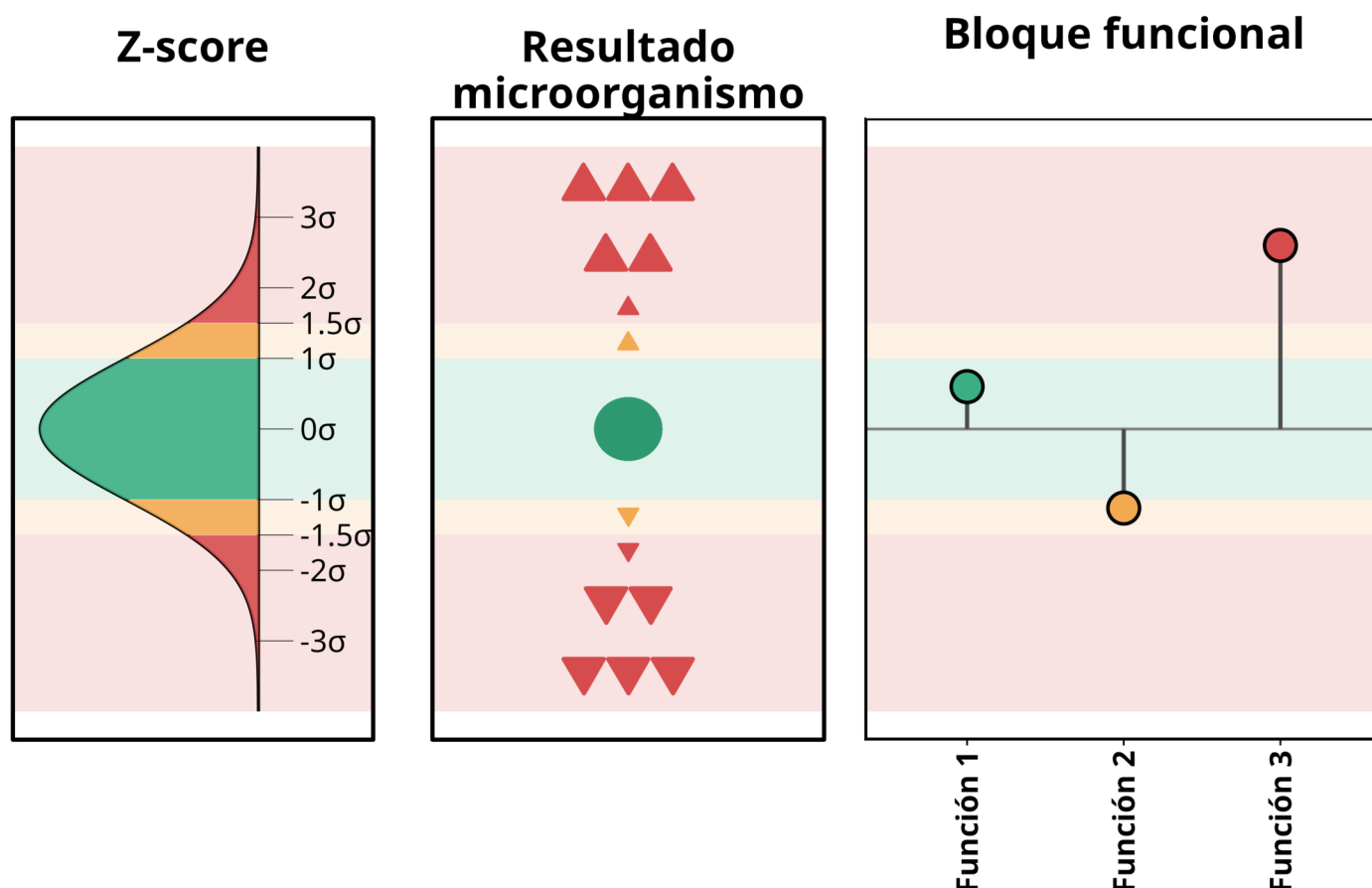
Además, integramos **modelos avanzados de inteligencia artificial** que optimizan la identificación y cuantificación de los microorganismos, garantizando la **calidad, coherencia y veracidad** de los resultados.

Este test no tiene un propósito diagnóstico, sino que está diseñado para ofrecer una visión clínica-preventiva. A partir de los genes detectados, analizamos el potencial funcional de tu microbiota para ayudarte a comprender mejor su equilibrio y cómo podría influir en tu bienestar.

¿Cómo interpretar los resultados?

El informe refleja cómo están distribuidas las poblaciones de tu microbiota intestinal. Para ello mostramos, para cada microorganismo detectado, su **porcentaje dentro del conjunto total** de especies identificadas. Esta forma de representar los datos (abundancia relativa) permite comparar tu perfil con el de una microbiota considerada saludable, independientemente de la cantidad total de bacterias presentes.

En el test aplicamos **modelos estadísticos avanzados** que analizan tanto especies individuales como **grupos funcionales**, lo que nos ayuda a interpretar qué implicaciones podría tener ese patrón en el equilibrio global de tu microbioma. Así, el Z-score no solo indica la desviación respecto a la referencia, sino que ayuda a entender **cómo se organiza tu ecosistema intestinal** y qué funciones podrían verse alteradas o preservadas.



Umbrales:

- **Verde:** indica que la abundancia relativa del microorganismo se sitúa **muy cerca del valor promedio** observado en la población sana. Es el rango esperado para una microbiota en equilibrio.
- **Naranja:** refleja una **desviación moderada** respecto a la media. No implica necesariamente un problema, pero señala una variación que conviene interpretar dentro del contexto global del microbioma.
- **Rojo:** corresponde a una **desviación marcada y estadísticamente significativa** respecto a la población de referencia (**confianza del 95%**). Puede indicar un desequilibrio relevante que merece atención en la interpretación clínica.

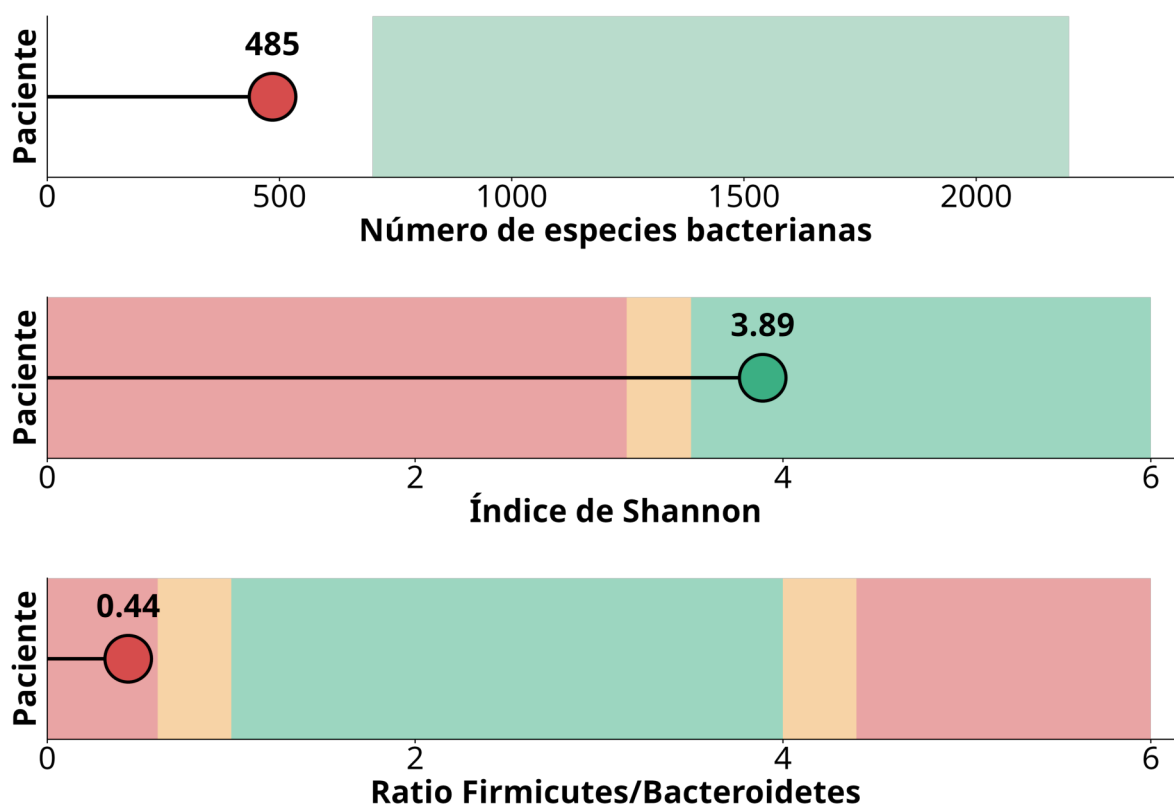
Evaluación global de la microbiota

Resumen global de resultados

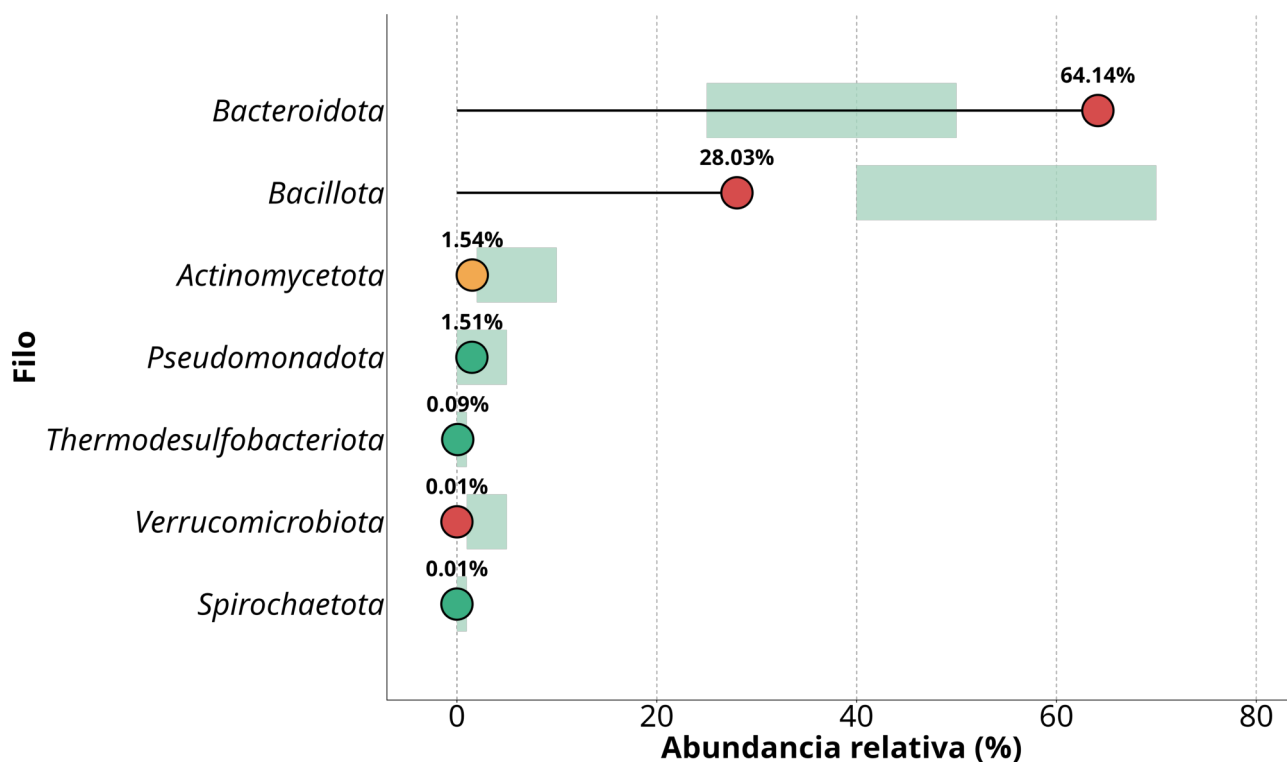
Dominio funcional	Resultado	Implicación clínica	Recomendación
Diversidad global	Baja	Ecosistema intestinal vulnerable	Incrementar variedad vegetal (≥ 30 vegetales/semana), reducir ultraprocesados y azúcares simples.
Inflamación intestinal	Muy alta inflamación intestinal	Perfil altamente proinflamatorio asociado a disfunción de barrera intestinal y riesgo elevado de síntomas digestivos.	Intervención intensiva: aumentar polifenoles, omega-3, retirar ultraprocesados, elevar fibra prebiótica y considerar probióticos antiinflamatorios.
Estado de la mucosa	Mucosa intestinal muy comprometida	Actividad excesiva de bacterias consumidoras de mucus y baja regulación, con riesgo elevado de adelgazamiento de la capa mucosa.	Intervención intensiva: aumentar prebióticos, fibra soluble, polifenoles y reducir ultraprocesados; considerar probióticos de soporte mucoso.
Permeabilidad intestinal	Severa / Muy comprometida	Permeabilidad intestinal marcada con alta probabilidad de repercusión clínica.	Intervención intensiva, valoración médica especializada y plan nutricional terapéutico. Intervención nutricional: Intervención nutricional terapéutica: dieta individualizada, posible restricción temporal de alimentos irritantes, texturas fáciles de digerir y seguimiento profesional estrecho.
Fermentación sacárida (SCFA)	Fermentación sacárida adecuada	Producción equilibrada de SCFA, adecuada para mantener integridad epitelial y funciones metabólicas.	Mantener dieta rica en plantas y fibras variadas; incorporar alimentos fermentados bien tolerados.
Equilibrio del butirato	Equilibrio del butirato adecuado	Relación producción/consumo adecuada para mantener integridad epitelial.	Mantener dieta equilibrada rica en plantas y alimentos fermentados bien tolerados.
Proteólisis / putrefacción	Proteólisis intestinal muy elevada	Producción excesiva de metabolitos proteolíticos (BCFA, fenoles, aminas) asociados a inflamación y disfunción de mucosa.	Reducir proteína animal, aumentar fibra fermentable, polifenoles y prebióticos; considerar probióticos reductores de BCFA proteolíticos.
Digestión de grasas	Digestión de grasas muy alterada	Marcada disfunción en el metabolismo de ácidos biliares, asociada a mala absorción de grasas, esteatorrea y posibles déficits liposolubles.	Valorar función hepatobiliar; aumentar alimentos ricos en fibra soluble; evitar fritos y grasas oxidadas; introducir grasas saludables; considerar soporte con enzimas biliares y coleréticos.
Producción de gases	Producción de gases dentro de rango	Equilibrio entre producción y consumo de gases intestinales, sin hallazgos relevantes.	Mantener hábitos actuales priorizando dieta basada en plantas con buena tolerancia.

Dominio funcional	Resultado	Implicación clínica	Recomendación
Micobiota	Micobiota fúngica dentro de la normalidad	Equilibrio adecuado entre hongos y bacterias sin hallazgos relevantes.	Mantener hábitos actuales y dieta rica en vegetales variados.
Parásitos	Ausencia significativa de parásitos	No se observan indicios relevantes de parasitosis en el análisis.	Mantener hábitos higiénico-dietéticos y dieta equilibrada rica en fibra.

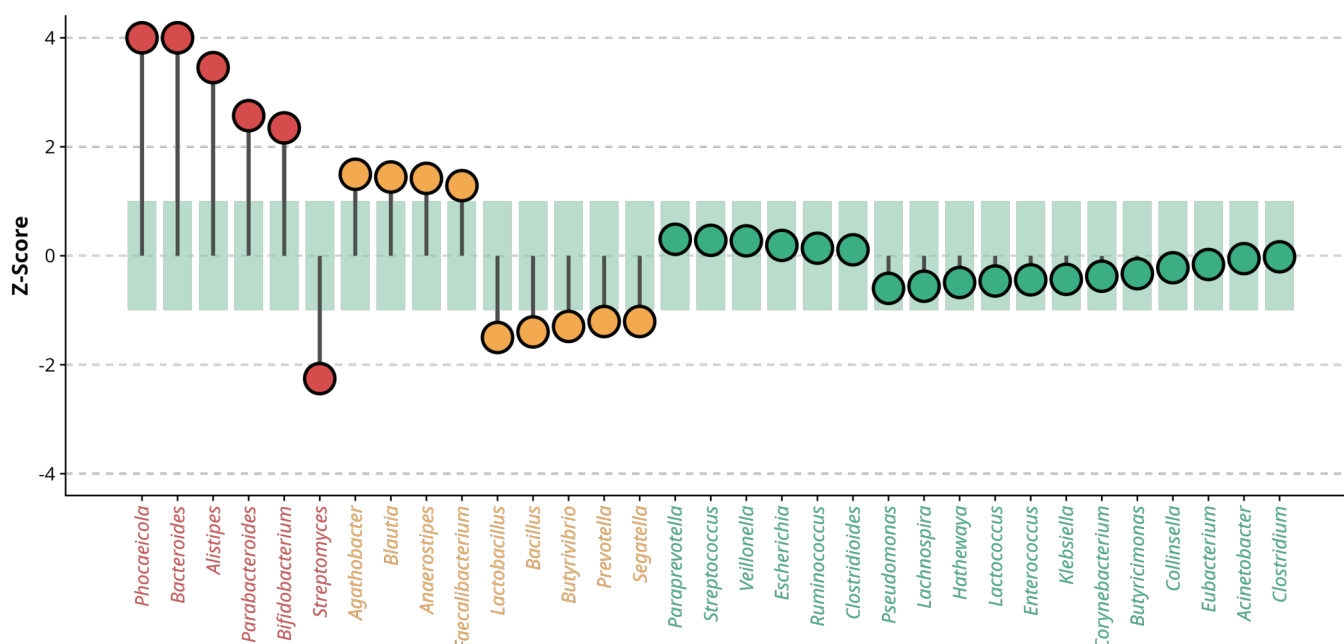
Composición general de la microbiota



Distribución filo



Distribución géneros



Resultados a nivel de especie

Lista de parásitos

En esta sección se analiza la **presencia de cualquier tipo de parásito** detectable en la muestra mediante nuestro análisis metagenómico. Cuando **no se identifica ningún parásito**, el informe muestra una **lista de los principales parásitos de interés clínico** incluidos en la evaluación, todos ellos con resultado negativo. Si se detecta **cualquier otro parásito**, aunque no forme parte de la lista estándar, este **aparecerá específicamente detallado** en esta sección, indicando su identificación y nivel de abundancia relativa.

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
Protozoos		
<i>Entamoeba histolytica</i>	No detectado	●
<i>Giardia lamblia</i>	No detectado	●
<i>Toxoplasma gondii</i>	No detectado	●
<i>Blastocystis hominis</i>	No detectado	●
<i>Cyclospora cayetanensis</i>	No detectado	●
<i>Trypanosoma cruzi</i>	No detectado	●
Nemátodos		

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Ancylostoma duodenale</i>	No detectado	●
<i>Anisakis simplex</i>	No detectado	●
<i>Enterobius vermicularis</i>	No detectado	●
<i>Necator americanus</i>	No detectado	●
<i>Strongyloides stercoralis</i>	No detectado	●
<i>Ascaris lumbricoides</i>	No detectado	●
<i>Trichuris trichiura</i>	No detectado	●
Otros parásitos		
<i>Hymenolepis nana</i>	No detectado	●
<i>Taenia saginata</i>	No detectado	●
<i>Cryptosporidium hominis</i>	No detectado	●
<i>Cryptosporidium parvum</i>	No detectado	●

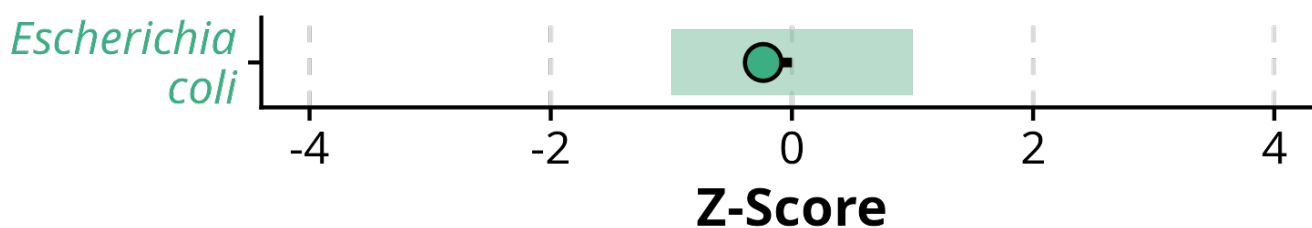
Patógenos bacterianos

Si se detecta **cualquier patógeno a niveles significativos**, aparecerá detallado en esta sección, indicando su identificación y nivel de abundancia relativa.

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Providencia rettgeri</i>	0.0054	▲

Cepas de E.coli

Abundancia relativa total *Escherichia coli*: 0.97%



Microorganismo	Virulencia	Relación	Abundancia relativa sobre el total (%)	Abundancia relativa dentro de <i>Escherichia coli</i> (%)
<i>Escherichia coli</i> K-12	Inocua	Comensal	0.875	90.168

Hongos y levaduras

Si se detecta **cualquier hongo o levadura a niveles significativos aparecerá detallado** en esta sección, indicando su identificación y nivel de abundancia relativa.

No se ha detectado ningún microorganismo a niveles significativos.

Virus de ADN detectados

Actualmente no se dispone de bases de datos ni recursos de población sana que permitan establecer rangos de referencia para virus en el microbioma humano. Por este motivo, la interpretación de su presencia se limita a describir qué virus han sido identificados y su abundancia relativa, sin poder compararlos con valores de normalidad en individuos sanos. A continuación se detallan los más abundantes.

Microorganismo	Abundancia relativa (%)
<i>Caudoviricetes</i> sp.	2.722
<i>Bacteriophage</i> sp.	0.985
<i>Microviridae</i> sp.	0.399
<i>uncultured human fecal virus</i>	0.086
<i>uncultured phage</i>	0.033

Tabla de resistencias a antibióticos

La detección de genes de resistencia a antibióticos indica el potencial de desarrollo de resistencias, pero no confirma que dicha resistencia esté activa ni que se exprese de forma efectiva. La probabilidad de expresión aumenta cuanto mayor es el número de genes asociados, aunque depende de factores como el entorno, la regulación génica y las interacciones microbianas. Este análisis tiene un carácter preventivo y orientativo y no debe interpretarse como una prueba clínica de resistencia antibiótica activa.

Antibiótico	Genes de resistencia	Genes totales	Lecturas totales
Doxycycline	tet(44), tet(O), tet(O/32/O), tet(Q), tet(W), tet(X)	6	91

Antibiótico	Genes de resistencia	Genes totales	Lecturas totales
Minocycline	tet(44), tet(O), tet(O/32/O), tet(Q), tet(W), tet(X)	6	91
Tetracycline	tet(44), tet(O), tet(O/32/O), tet(Q), tet(W), tet(X)	6	91
Lincomycin	erm(B), erm(F), erm(G), lnu(C)	4	79
Erythromycin	erm(B), erm(F), erm(G), mef(A), msr(D)	5	75
Pristinamycin_IA	erm(B), erm(F), erm(G), msr(D)	4	73
Quinupristin	erm(B), erm(F), erm(G), msr(D)	4	73
Virginiamycin_S	erm(B), erm(F), erm(G), msr(D)	4	73
Clindamycin	erm(B), erm(F), erm(G)	3	72
Chloramphenicol	cat	1	45

Especies predominantes

El informe presenta las 20 especies microbianas más abundantes, comparadas mediante Z-score, junto con una descripción sintética de su funcionalidad potencial, basada en los genes detectados y en su papel conocido en el equilibrio intestinal.

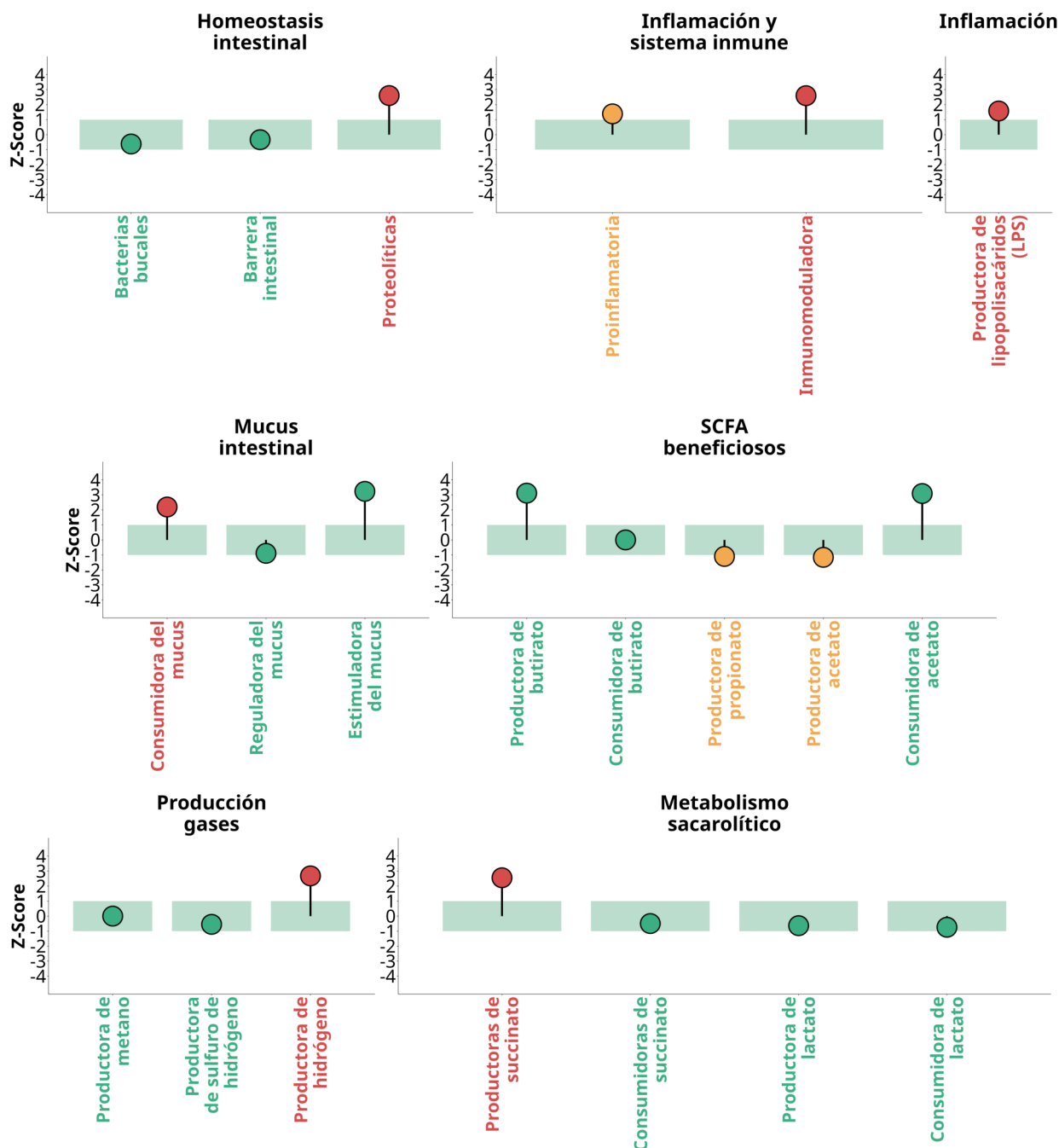
Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado	Funcionalidad
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.56	▲▲▲	Proinflamatoria, Productora de lipopolisacáridos (LPS), Consumidora del mucus, Productora de GABA, Productora de glutamato, Productoras de succinato, Proteolíticas, Metabolizadora de ácidos biliares, Productora de amonio
<i>Phocaeicola massiliensis</i>	8.28	▲▲▲	Proinflamatoria, Productores de BCFA, Productora de amonio
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.04	▲▲	Proinflamatoria, Productora de lipopolisacáridos (LPS), Productores de BCFA, Productora de hidrógeno, Productora de indol, Productora de GABA, Formadora del estroboloma, Productora de S-EQUOL, Metabolizadora de ácidos biliares
<i>Agathobacter rectalis</i>	4.00	●	Productora de butirato

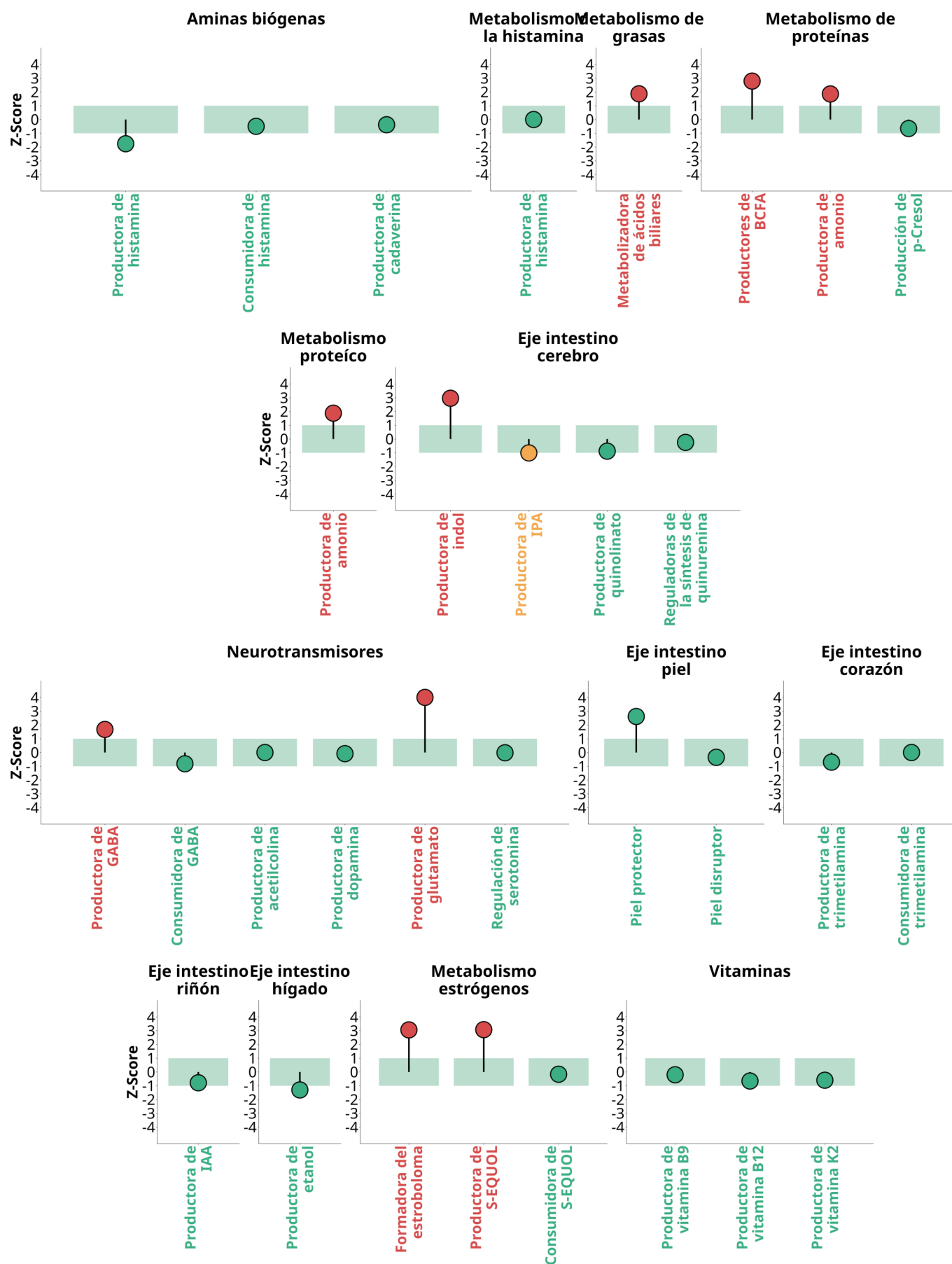
Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado	Funcionalidad
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.65	●	Productora de lipopolisacáridos (LPS), Consumidora del mucus, Productores de BCFA, Productora de hidrógeno, Productora de indol, Productora de GABA, Formadora del estroboloma, Consumidora de S-EQUOL, Metabolizadora de ácidos biliares
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.99	▲▲	Inmunomoduladora, Estimuladora del mucus, Productora de butirato, Consumidora de acetato, Productora de hidrógeno, Piel protector, Formadora del estroboloma, Metabolizadora de ácidos biliares
<i>Caudoviricetes sp.</i>	2.72	●	Virus
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.47	▲	Productora de lipopolisacáridos (LPS), Productora de butirato, Productora de indol, Productora de GABA, Productoras de succinato, Proteolíticas, Productora de amonio
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	2.46	●	Productora de lipopolisacáridos (LPS), Productora de indol, Formadora del estroboloma
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.18	●	Antiinflamatoria, Reguladora del mucus, Estimuladora del mucus, Productora de butirato, Consumidora de acetato, Productora de hidrógeno, Productora de IPA, Piel protector, Formadora del estroboloma, Productoras de succinato, Otras especies probióticas
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.04	●	Inmunomoduladora, Productores de BCFA, Productora de hidrógeno, Productora de GABA, Piel protector, Productoras de succinato
<i>Bacteroides caccae</i>	1.59	●	Proinflamatoria, Productora de lipopolisacáridos (LPS), Consumidora del mucus, Productores de BCFA, Productora de hidrógeno, Productora de GABA, Proteolíticas
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.48	●	Proinflamatoria, Consumidora del mucus, Productores de BCFA, Productora de hidrógeno, Productora de GABA, Productoras de succinato, Consumidora de histamina, Metabolizadora de ácidos biliares, Productora de amonio, Patógenos
<i>Blautia wexlerae</i>	1.37	▲	Antiinflamatoria, Piel protector, Productora de acetato
<i>Oscillospiraceae bacterium</i>	1.27	●	Barrera intestinal, Productora de acetato
<i>Phocaeicola dorei</i>	1.16	●	Productora de lipopolisacáridos (LPS), Productora de acetato, Productora de GABA, Metabolizadora de ácidos biliares

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado	Funcionalidad
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.01	▲	Antiinflamatoria, Inmunomoduladora, Reguladora del mucus, Productora de acetato, Productora de GABA, Regulación de serotonina, Piel protector, Productora de S-EQUOL, Productora de lactato, Productora de formato, Consumidora de histamina, Proteolíticas, Productora de vitamina B9, Bifidobacterium spp
<i>Paraprevotella clara</i>	0.99	●	Productora de propionato, Productora de acetato, Piel protector, Productoras de succinato, Productora de trimetilamina
<i>Bacteriophage sp.</i>	0.99	●	Virus
<i>Escherichia coli</i>	0.97	●	Proinflamatoria, Productora de lipopolisacáridos (LPS), Productores de BCFA, Productora de sulfuro de hidrógeno, Productora de hidrógeno, Productora de indol, Productora de quinolinato, Piel disruptor, Productora de etanol, Consumidora de formato, Productora de histamina, Productora putrescicina, Productora de cadaverina, Proteolíticas, Productora de amonio

Evaluación funcional de la microbiota

El informe presenta las **veinte especies más abundantes** detectadas en la muestra, acompañadas de su puntuación Z-score. Para cada una se incluye además una **descripción breve de su funcionalidad potencial**, basada en los genes identificados y en el papel que estas especies suelen desempeñar en el equilibrio del ecosistema intestinal.





Grupo funcional	Top especies	Estado
Aminas biógenas		
Productora de histamina	<i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	▼
Consumidora de histamina	<i>Bacteroides fragilis</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	●
Productora de cadaverina	<i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i>	●
		●
		●
Eje intestino cerebro		
Productora de indol	<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Alistipes finegoldii</i>	▲▲
Productora de IPA	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Blautia coccoides</i> , [<i>Clostridium</i>] <i>symbiosum</i>	▼
Productora de quinolinato	<i>Escherichia coli</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Mediterraneibacter gnavus</i>	●
Reguladoras de la síntesis de quinurenina	<i>Lactococcus lactis</i>	●
Eje intestino corazón		
Productora de trimetilamina	<i>Paraprevotella clara</i> , <i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i>	●
Consumidora de trimetilamina		●
Eje intestino hígado		
Productora de etanol	<i>Escherichia coli</i> , <i>Mediterraneibacter gnavus</i> , <i>Lachnospira eligens</i>	▼
Eje intestino piel		
Piel protector	<i>Roseburia intestinalis</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Parabacteroides distasonis</i>	▲▲

Grupo funcional	Top especies	Estado
Piel disruptor	<i>Escherichia coli</i> , <i>Dorea formicigenerans</i> , <i>Collinsella aerofaciens</i>	●
Eje intestino riñón		
Productora de IAA	<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Providencia rettgeri</i>	●
Homeostasis intestinal		
Bacterias bucales	<i>Segatella copri</i> , <i>Veillonella parvula</i> , <i>Bacteroides heparinolyticus</i>	●
Barrera intestinal	<i>Oscillospiraceae bacterium</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Blautia obeum</i>	●
Proteolíticas	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Alistipes finegoldii</i> , <i>Bacteroides caccae</i>	▲▲ ▼▼
Inflamación		
Productora de lipopolisacáridos (LPS)	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i>	▲
Inflamación y sistema inmune		
Proinflamatoria	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Phocaeicola massiliensis</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	▲
Inmunomoduladora	<i>Roseburia intestinalis</i> , <i>Parabacteroides distasonis</i> , <i>Bifidobacterium longum</i>	▲▲ ● ●
Metabolismo de grasas		
Metabolizadora de ácidos biliares	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i>	▲
Metabolismo de la histamina		
Productora de histamina	<i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	●

Grupo funcional	Top especies	Estado
Metabolismo de proteínas		
Productores de BCFA	<i>Phocaeicola massiliensis</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i>	▲▲
Productora de amonio	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Phocaeicola massiliensis</i> , <i>Alistipes finegoldii</i>	▲
Producción de p-Cresol	<i>[Eubacterium] siraeum</i> , <i>Clostridioides difficile</i> , <i>Veillonella parvula</i>	●
Metabolismo estrógenos		
Formadora del estroboloma	<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Roseburia intestinalis</i>	▲▲▲
Productora de S-EQUOL	<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Ruminococcus</i> sp. SR1/5	▲▲▲
Consumidora de S-EQUOL	<i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Adlercreutzia equolifaciens</i> , <i>Tannerella forsythia</i>	●
Metabolismo proteico		
Productora de amonio	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Phocaeicola massiliensis</i> , <i>Alistipes finegoldii</i>	▲
Metabolismo sacarolítico		
Productoras de succinato	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Alistipes finegoldii</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	▲▲
Consumidoras de succinato	<i>Phascolarctobacterium faecium</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Barnesiella viscericola</i>	●
Productora de lactato	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	●
Consumidora de lactato	<i>Anaerostipes hadrus</i> , <i>Anaerobutyricum hallii</i> , <i>Waltera intestinalis</i>	●
		▼
		▲

Grupo funcional	Top especies	Estado
Mucus intestinal		
Consumidora del mucus	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Bacteroides caccae</i>	▲▲
Reguladora del mucus	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	●
Estimuladora del mucus	<i>Roseburia intestinalis</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Anaerostipes hadrus</i>	▲▲▲
Neurotransmisores		
Productora de GABA	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i>	▲
Consumidora de GABA	<i>Bacillus licheniformis</i> , <i>Bacillus cereus</i>	●
Productora de acetilcolina		●
Productora de dopamina	<i>Streptococcus thermophilus</i> , <i>Lactococcus lactis</i>	●
Productora de glutamato	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Shigella flexneri</i>	▲▲▲
Regulación de serotonina	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Streptococcus thermophilus</i>	●
Producción gases		
Productora de metano		●
Productora de sulfuro de hidrógeno	<i>Escherichia coli</i> , <i>Salmonella enterica</i> , <i>Veillonella parvula</i>	●
Productora de hidrógeno	<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Roseburia intestinalis</i>	▲▲
SCFA beneficiosos		
Productora de butirato	<i>Agathobacter rectalis</i> , <i>Roseburia intestinalis</i> , <i>Alistipes finegoldii</i>	▲▲▲
Consumidora de butirato		●
Productora de propionato	<i>Paraprevotella clara</i> , <i>Phascolarctobacterium faecium</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	▼

Grupo funcional	Top especies	Estado
Productora de acetato	<i>Blautia wexlerae</i> , <i>Oscillospiraceae bacterium</i> , <i>Phocaeicola dorei</i>	▼
Consumidora de acetato	<i>Roseburia intestinalis</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	▲▲▲
Vitaminas		
Productora de vitamina B9	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Streptococcus thermophilus</i> , <i>Bifidobacterium breve</i>	●
Productora de vitamina B12	<i>Collinsella aerofaciens</i>	●
Productora de vitamina K2	<i>Veillonella parvula</i> , <i>Lactococcus lactis</i>	●

Compuestos prebióticos recomendados

En esta sección se describen los **compuestos nutricionales o prebióticos** que son utilizados por los microorganismos de cada grupo. Esto permite identificar **qué sustratos podrían mejorar las especies en desequilibrio** según la composición microbiana observada.

Funcionalidad	Compuesto nutricional
Productora de IPA	Triptófano
Productora de acetato	Celobiosa
Productora de propionato	L-fucosa

Anexo

Características del análisis metagenómico

El análisis metagenómico con lecturas largas ofrece **mayor precisión, menor sesgo y mejor interpretación funcional** que los métodos tradicionales (16S rRNA) y que las aproximaciones de baja profundidad (NGS). A continuación, un resumen conciso de las ventajas clave.

1. **Mayor resolución taxonómica:** Identificación a nivel de especie e **incluso cepa**. Evita los sesgos del 16S (regiones hipervariables, PCR, baja discriminación). Más preciso que Shallow Shotgun (NGS), que se limita por su escasa profundidad y falsos positivos y falsos negativos.
2. **Cuantificación más fiable:** Long-reads permiten asignar lecturas completas a una única especie. Reducción de artefactos y falsos positivos. La **IA** integrada mejora la exactitud y consistencia entre muestras.
3. **Detección de especies de baja abundancia:** **Alta sensibilidad** para microorganismos minoritarios. Mejor capacidad para identificar oportunistas o simbiontes clave. 16S y Shallow Shotgun (NGS) suelen perder señal en abundancias <0.1%.
4. **Análisis funcional real:** Identificación directa de **genes y rutas metabólicas** (SCFA, vitaminas, metabolitos bioactivos, resistencia antibiótica...). Proporciona una visión funcional basada en datos reales, no en inferencias. 16S no ofrece información funcional y Shallow Shotgun (NGS) solo permite estimaciones parciales.
5. **Menor sesgo técnico:** No depende de PCR → sin sesgos de cebadores ni amplificación. **Lecturas largas** aportan mayor continuidad y menor fragmentación. Mejor uniformidad y reproducibilidad.
6. **Resultados más robustos gracias a la aplicación de IA:** Corrección de errores y optimización de la asignación taxonómica. Validación cruzada y control de calidad automatizado. Resultados más coherentes y clínicamente útiles.

Técnicas de estudio de la microbiota

Característica	Metagenómica (Long-Reads)	NGS (Shallow Shotgun)	16S rRNA
Resolución Taxonómica	★★★★★ Especie/cepa	★★ Especie (limitada)	★ Género
Cuantificación	★★★★★ Muy precisa	★★ Moderada	★ Sesgada
Sensibilidad	★★★★★ Muy Alta	★★ Media	★ Baja
Información Funcional	★★★★★ Genes reales	★★ Parcial	— Ninguna
Sesgo Técnico	Muy bajo	Medio	Alto
Utilidad Clínica	Muy alta	Media	Baja

¿Cómo interpretar los resultados?

El informe refleja cómo están distribuidas las poblaciones de tu microbiota intestinal. Para ello mostramos, para cada microorganismo detectado, su **porcentaje dentro del conjunto total** de especies identificadas. Esta forma de representar los datos (abundancia relativa) permite comparar tu perfil con el de una microbiota considerada saludable, independientemente de la cantidad total de bacterias presentes.

En el test aplicamos **modelos estadísticos avanzados** que analizan tanto especies individuales como **grupos funcionales**, lo que nos ayuda a interpretar qué implicaciones podría tener ese patrón en el equilibrio global de tu microbioma. Así, el Z-score no solo indica la desviación respecto a la referencia, sino que ayuda a entender **cómo se organiza tu ecosistema intestinal** y qué funciones podrían verse alteradas o preservadas.

Descripción taxonómica

Lactobacillus *acidophilus* W55
género **especie** **cepa**

- **Género:** *Lactobacillus* - Género de bacterias ácido-lácticas comúnmente presentes en el tracto gastrointestinal, genitourinario y en alimentos fermentados. Muchas especies del género tienen propiedades probióticas y contribuyen a la salud intestinal.
- **Especie:** *Lactobacillus acidophilus* - Especie ampliamente reconocida por sus efectos beneficiosos en la digestión, el equilibrio de la microbiota intestinal y la inhibición de patógenos mediante la producción de ácido láctico y bacteriocinas.
- **Cepa 1:** *Lactobacillus acidophilus* W55 - Cepa probiótica específica con propiedades inmunomoduladoras. Se ha estudiado por su capacidad para reforzar la barrera intestinal, reducir la inflamación y apoyar el tratamiento de enfermedades alérgicas e inflamatorias.
- **Cepa 2:** *Lactobacillus acidophilus* ATCC 4356 - Cepa de referencia utilizada principalmente en investigación.

Infección

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
Patógenos		
<i>Providencia rettgeri</i>	0.005	▲
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Shigella flexneri</i>	0.167	●
<i>Enterocloster bolteae</i>	0.080	●
<i>Salmonella enterica</i>	0.063	●
<i>Clostridioides difficile</i>	0.049	●
<i>Enterocloster clostridioformis</i>	0.042	●
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	0.035	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	●
<i>Alistipes putredinis</i>	0.015	●
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	0.005	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>Clostridium botulinum</i>	0.005	●
Hongos		
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	0.046	●
<i>Rhizophagus irregularis</i>	0.004	●
<i>Wickerhamomyces ciferrii</i>	0.004	●
Virus		
<i>Caudoviricetes sp.</i>	2.722	●
<i>Caudoviricetes sp.</i>	2.722	●
<i>Bacteriophage sp.</i>	0.985	●
<i>Microviridae sp.</i>	0.399	●
<i>uncultured human fecal virus</i>	0.086	●
<i>Crassvirales sp.</i>	0.018	●
<i>Inoviridae sp.</i>	0.008	●

Grupos funcionales

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
Bacterias bucales		
<i>Bacteroides heparinolyticus</i>	0.037	▲▲▲
<i>Segatella copri</i>	0.058	●
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
<i>Streptococcus salivarius</i>	0.020	●
<i>Prevotella melaninogenica</i>	0.019	●
<i>Prevotella intermedia</i>	0.014	●
<i>Tannerella forsythia</i>	0.010	●
<i>Veillonella atypica</i>	0.005	●
<i>Streptococcus mitis</i>	0.005	●
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	0.005	●
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	0.004	●
<i>[Eubacterium] sulci</i>	0.004	●
Barrera intestinal		
<i>Oscillospiraceae bacterium</i>	1.269	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Blautia obeum</i>	0.212	●
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	0.019	●
<i>Coproccoccus eutactus</i>	0.008	●
Proteolíticas		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.473	▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Bacteroides caccae</i>	1.591	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Alistipes communis</i>	0.268	●
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.111	●
<i>Enterocloster bolteae</i>	0.080	●
<i>Salmonella enterica</i>	0.063	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Clostridioides difficile</i>	0.049	●
<i>Enterocloster clostridioformis</i>	0.042	●
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Enterococcus faecalis</i>	0.026	●
<i>Alistipes putredinis</i>	0.015	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>Lacrimispora sphenoides</i>	0.004	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Alistipes shahii</i>	0.043	▼▼
<i>Alistipes dispar</i>	0.011	▼▼
<i>Alistipes megaguti</i>	0.011	▼▼
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	0.005	▼▼
<i>Alistipes sp. dk3624</i>	0.004	▼▼
Proinflamatoria		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Phocaeicola massiliensis</i>	8.282	▲▲▲
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Bacteroides caccae</i>	1.591	●
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Alistipes communis</i>	0.268	●
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.111	●
<i>Enterocloster bolteae</i>	0.080	●
<i>Salmonella enterica</i>	0.063	●
<i>Segatella copri</i>	0.058	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Clostridioides difficile</i>	0.049	●
<i>Enterocloster clostridioformis</i>	0.042	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Alistipes putredinis</i>	0.015	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>Lacrimispora sphenoides</i>	0.004	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Alistipes dispar</i>	0.011	▼▼
<i>Alistipes megaguti</i>	0.011	▼▼
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	0.005	▼▼
<i>Alistipes sp. dk3624</i>	0.004	▼▼
Productora de lipopolisacáridos (LPS)		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.473	▲
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	2.458	●
<i>Bacteroides caccae</i>	1.591	●
<i>Phocaeicola dorei</i>	1.162	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Alistipes communis</i>	0.268	●
<i>Shigella flexneri</i>	0.167	●
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.111	●
<i>Salmonella enterica</i>	0.063	●
<i>Segatella copri</i>	0.058	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Prevotella melaninogenica</i>	0.019	●
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	0.005	●
<i>Alistipes dispar</i>	0.011	▼▼
<i>Alistipes megaguti</i>	0.011	▼▼

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides humanifaecis</i>	0.140	▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼
Inmunomoduladora		
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.041	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Bacteroides faecis</i>	0.467	●
<i>Blautia sp. SC05B48</i>	0.296	●
<i>Roseburia hominis</i>	0.288	●
<i>Blautia obeum</i>	0.212	●
<i>Walteria intestinalis</i>	0.109	●
<i>Blautia producta</i>	0.082	●
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.053	●
<i>Enterococcus faecalis</i>	0.026	●
<i>Streptococcus salivarius</i>	0.020	●
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	0.019	●
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.005	●
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	0.008	▼▼▼
<i>Ligilactobacillus ruminis</i>	0.007	▼▼▼
<i>Lachnospira eligens</i>	0.340	▼▼
<i>Blautia argi</i>	0.018	▼▼
<i>Blautia pseudococcoides</i>	0.014	▼▼
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.011	▼
Consumidora del mucus		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Bacteroides caccae</i>	1.591	●
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	0.591	●
<i>Dysosmobacter welbionis</i>	0.349	●
<i>Dorea longicatena</i>	0.338	●
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●
<i>[Ruminococcus] torques</i>	0.130	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼
Reguladora del mucus		
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.007	▼▼
Estimuladora del mucus		
<i>Anaerostipes hadrus</i>	0.621	▲▲▲
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Coprococcus comes</i>	0.436	●
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	0.315	●
<i>Butyricimonas virosa</i>	0.038	●
<i>Coprococcus catus</i>	0.031	●
<i>Roseburia inulinivorans</i>	0.024	●
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	0.016	●
<i>Eubacterium ventriosum</i>	0.014	●
<i>Subdoligranulum variabile</i>	0.010	●
<i>Coprococcus eutactus</i>	0.008	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
Productora de butirato		
<i>Anaerostipes hadrus</i>	0.621	▲▲▲
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.473	▲
<i>Flavonifractor plautii</i>	0.410	▲
<i>Agathobacter rectalis</i>	4.003	●
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	0.851	●
<i>butyrate-producing bacterium SS3/4</i>	0.556	●
<i>Butyricimonas faecihominis</i>	0.524	●
<i>Coprococcus comes</i>	0.436	●
<i>[Ruminococcus] lactaris</i>	0.371	●
<i>Dysosmobacter welbionis</i>	0.349	●
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	0.315	●
<i>Roseburia hominis</i>	0.288	●
<i>Blautia obeum</i>	0.212	●
<i>[Eubacterium] siraeum</i>	0.151	●
<i>[Ruminococcus] torques</i>	0.130	●
<i>Blautia producta</i>	0.082	●
<i>Bacteroides eggerthii</i>	0.065	●
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	0.060	●
<i>Parabacteroides merdae</i>	0.056	●
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.053	●
<i>Butyricimonas virosa</i>	0.038	●
<i>Coprococcus catus</i>	0.031	●
<i>Roseburia inulinivorans</i>	0.024	●
<i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i>	0.016	●
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	0.016	●
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	0.016	●
<i>Anaerotruncus colihominis</i>	0.015	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Eubacterium ventriosum</i>	0.014	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●
<i>Subdoligranulum variabile</i>	0.010	●
<i>Coprococcus eutactus</i>	0.008	●
<i>Ruminococcus albus</i>	0.007	●
<i>Clostridium botulinum</i>	0.005	●
<i>Clostridium baratii</i>	0.005	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Lachnospira eligens</i>	0.340	▼▼
<i>Oscillibacter</i> sp. PEA192	0.193	▼▼
<i>Alistipes shahii</i>	0.043	▼▼
<i>Anaerostipes rhamnosivorans</i>	0.007	▼▼
<i>Coprococcus</i> sp. ART55/1	0.015	▼
<i>Lachnospiraceae bacterium</i> GAM79	0.083	▼
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	0.030	▼
<i>Butyricimonas faecalis</i>	0.029	▼
<i>Butyrivibrio crossotus</i>	0.026	▼
<i>Butyrivibrio crossotus</i>	0.026	▼
<i>Butyrivibrio proteoclasticus</i>	0.007	▼
<i>Butyrivibrio proteoclasticus</i>	0.007	▼
Productora de propionato		
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	0.654	▲▲▲
<i>Paraprevotella clara</i>	0.988	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.111	●
<i>Parabacteroides merdae</i>	0.056	●
<i>Coprobacter fastidiosus</i>	0.029	●
<i>Roseburia inulinivorans</i>	0.024	●
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.007	▼▼
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	0.035	▼

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides finegoldii</i>	0.185	▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼
Productora de acetato		
<i>Enterocloster asparagiformis</i>	0.029	▲▲▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Blautia wexlerae</i>	1.370	▲
<i>Oscillospiraceae bacterium</i>	1.269	●
<i>Phocaeicola dorei</i>	1.162	●
<i>Paraprevotella clara</i>	0.988	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.111	●
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	0.092	●
<i>Parabacteroides merdae</i>	0.056	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Coprobacter secundus</i>	0.035	●
<i>Coprobacter fastidiosus</i>	0.029	●
<i>Prevotella sp. CAG:1058</i>	0.012	●
<i>Alistipes indistinctus</i>	0.008	●
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	0.008	▼▼▼
<i>Lachnospira eligens</i>	0.340	▼▼
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.007	▼▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0.008	▼
Consumidora de acetato		
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	0.315	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	0.008	▼▼▼
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.007	▼▼
<i>Bacteroides finegoldii</i>	0.185	▼
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0.008	▼
Productora de sulfuro de hidrógeno		
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Salmonella enterica</i>	0.063	●
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Desulfovibrio desulfuricans</i>	0.015	●
<i>Desulfovibrio piger</i>	0.010	●
<i>Veillonella atypica</i>	0.005	●
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	0.005	●
<i>Nitratidesulfovibrio vulgaris</i>	0.004	▼
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	0.018	▼
Productora de hidrógeno		
<i>Anaerostipes hadrus</i>	0.621	▲▲▲
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Bacteroides caecimuris</i>	0.091	▲
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.041	●
<i>Bacteroides caccae</i>	1.591	●
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Bacteroides faecis</i>	0.467	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Dorea longicatena</i>	0.338	●
<i>Bacteroides salyersiae</i>	0.166	●
<i>Bacteroides nordii</i>	0.088	●
<i>Bacteroides eggerthii</i>	0.065	●
<i>Bacteroides intestinalis</i>	0.056	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.053	●
<i>Bacteroides helcogenes</i>	0.049	●
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	0.037	●
<i>Ruminococcus albus</i>	0.007	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Bacteroides</i> sp. A1C1	0.154	▼▼
<i>Bacteroides humanifacis</i>	0.140	▼
<i>Bacteroides finegoldii</i>	0.185	▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼
Productoras de succinato		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.473	▲
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.041	●
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.041	●
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Paraprevotella clara</i>	0.988	●
<i>Alistipes communis</i>	0.268	●
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.111	●
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	0.092	●
<i>Coprobacter secundus</i>	0.035	●
<i>Coprobacter fastidiosus</i>	0.029	●
<i>Thomasclavelia ramosa</i>	0.023	●
<i>Prevotella</i> sp. CAG:1058	0.012	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Alistipes indistinctus</i>	0.008	●
<i>Alistipes indistinctus</i>	0.008	●
<i>Ruminococcus albus</i>	0.007	●
<i>Alistipes shahii</i>	0.043	▼▼
<i>Alistipes dispar</i>	0.011	▼▼
<i>Alistipes dispar</i>	0.011	▼▼
<i>Alistipes megaguti</i>	0.011	▼▼
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.007	▼▼
<i>Alistipes sp. dk3624</i>	0.004	▼▼
<i>Alistipes sp. dk3624</i>	0.004	▼▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼
Consumidoras de succinato		
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	0.654	▲▲▲
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Barnesiella viscericola</i>	0.122	●
<i>Walteria intestinalis</i>	0.109	●
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
Productora de lactato		
<i>Enterocloster asparagiformis</i>	0.029	▲▲▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	0.068	▼▼
Consumidora de lactato		
<i>Anaerostipes hadrus</i>	0.621	▲▲▲
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	0.315	●
<i>Walteria intestinalis</i>	0.109	●
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
<i>Veillonella atypica</i>	0.005	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Anaerostipes rhamnosivorans</i>	0.007	▼▼
Productora de histamina		
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Lactococcus lactis</i>	0.005	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
Consumidora de histamina		
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.005	●
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.011	▼
Productora de cadaverina		
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
Lactobacillus spp		
<i>Ligilactobacillus ruminis</i>	0.007	▼▼▼
<i>Ligilactobacillus ruminis</i>	0.007	▼▼▼
Bifidobacterium spp		
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	0.239	●
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	0.019	●
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.005	●
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.011	▼
Otras especies probióticas		
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.007	▼▼
Metabolizadora de ácidos biliares		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Romboutsia ilealis</i>	0.031	▲▲▲
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Phocaeicola dorei</i>	1.162	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	0.591	●
<i>Coprococcus comes</i>	0.436	●
<i>Blautia sp. SC05B48</i>	0.296	●
<i>Roseburia hominis</i>	0.288	●
<i>Blautia obeum</i>	0.212	●
<i>[Ruminococcus] torques</i>	0.130	●
<i>Blautia producta</i>	0.082	●
<i>Enterocloster bolteae</i>	0.080	●
<i>Segatella copri</i>	0.058	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Enterocloster clostridioformis</i>	0.042	●
<i>Hungatella hathewayi</i>	0.037	●
<i>Anaerocolumna sedimenticola</i>	0.007	●
<i>Clostridium baratii</i>	0.005	●
<i>Blautia argi</i>	0.018	▼▼
Productores de BCFA		
<i>Phocaeicola massiliensis</i>	8.282	▲▲▲
<i>Bacteroides heparinolyticus</i>	0.037	▲▲▲
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides caecimuris</i>	0.091	▲
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.041	●
<i>Bacteroides caccae</i>	1.591	●
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Bacteroides faecis</i>	0.467	●
<i>Bacteroides salyersiae</i>	0.166	●
<i>Bacteroides nordii</i>	0.088	●
<i>Blautia coccoides</i>	0.075	●
<i>Bacteroides eggerthii</i>	0.065	●
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	0.060	●
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	0.060	●
<i>Bacteroides intestinalis</i>	0.056	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Bacteroides helcogenes</i>	0.049	●
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	0.037	●
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	0.015	●
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	0.015	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●
<i>Bacillus licheniformis</i>	0.011	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>Clostridium botulinum</i>	0.005	●
<i>Clostridium baratii</i>	0.005	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Hathewayia histolytica</i>	0.004	▼▼▼

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides stercoris</i>	0.156	▼▼
<i>Bacteroides sp. A1C1</i>	0.154	▼▼
<i>Bacteroides humanifacis</i>	0.140	▼
<i>Bacteroides finegoldii</i>	0.185	▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼
<i>Bacillus cereus</i>	0.004	▼
Productora de amonio		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Phocaeicola massiliensis</i>	8.282	▲▲▲
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.473	▲
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Salmonella enterica</i>	0.063	●
<i>Clostridioides difficile</i>	0.049	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Thomasclavelia ramosa</i>	0.023	●
<i>Pseudomonas putida</i>	0.005	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Bacillus cereus</i>	0.004	▼
Producción de p-Cresol		
<i>[Eubacterium] siraeum</i>	0.151	●
<i>Clostridioides difficile</i>	0.049	●
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0.008	▼
Productora de indol		
<i>Clostridiales bacterium</i>	0.065	▲▲▲

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.473	▲
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	2.458	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Lachnospiraceae bacterium</i>	0.406	●
<i>Alistipes communis</i>	0.268	●
<i>Bacteroides salyersiae</i>	0.166	●
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.111	●
<i>Bacteroides eggerthii</i>	0.065	●
<i>Bacteroides intestinalis</i>	0.056	●
<i>Prevotella intermedia</i>	0.014	●
<i>Alistipes indistinctus</i>	0.008	●
<i>Bacteroides stercoris</i>	0.156	▼▼
<i>Alistipes shahii</i>	0.043	▼▼
<i>Alistipes dispar</i>	0.011	▼▼
<i>Alistipes megaguti</i>	0.011	▼▼
<i>Alistipes sp. dk3624</i>	0.004	▼▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼

Productora de IPA

<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Blautia coccoides</i>	0.075	●
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	0.060	●
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	0.060	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	0.015	●
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	0.015	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>Clostridium botulinum</i>	0.005	●
<i>Clostridium baratii</i>	0.005	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Hathewayia histolytica</i>	0.004	▼▼▼
Productora de quinolinato		
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	0.591	●
<i>Lachnospiraceae bacterium</i>	0.406	●
<i>Lachnospiraceae bacterium</i>	0.406	●
<i>Blautia coccoides</i>	0.075	●
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	0.060	●
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	0.060	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	0.019	●
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	0.015	●
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	0.015	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●
<i>Ruminococcus albus</i>	0.007	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>Clostridium botulinum</i>	0.005	●
<i>Clostridium baratii</i>	0.005	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Hathewayia histolytica</i>	0.004	▼▼▼
<i>Bacillus cereus</i>	0.004	▼

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
Reguladoras de la síntesis de quinurenina		
<i>Lactococcus lactis</i>	0.005	●
Productora de GABA		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.473	▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.041	●
<i>Bacteroides caccae</i>	1.591	●
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Phocaeicola dorei</i>	1.162	●
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●
<i>Parabacteroides merdae</i>	0.056	●
<i>Alistipes indistinctus</i>	0.008	●
<i>Lactococcus lactis</i>	0.005	●
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.005	●
Consumidora de GABA		
<i>Bacillus licheniformis</i>	0.011	●
<i>Bacillus cereus</i>	0.004	▼
Productora de dopamina		
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●
<i>Lactococcus lactis</i>	0.005	●
Productora de glutamato		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Shigella flexneri</i>	0.167	●
Regulación de serotonina		
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Enterococcus faecalis</i>	0.026	●
<i>Lactococcus lactis</i>	0.005	●
<i>Streptococcus mitis</i>	0.005	●
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.011	▼
Piel protector		
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Blautia wexlerae</i>	1.370	▲
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.041	●
<i>Paraprevotella clara</i>	0.988	●
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.007	▼▼
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.011	▼
Piel disruptor		
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Dorea formicigenerans</i>	0.115	●
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.053	●
<i>Clostridioides difficile</i>	0.049	●
<i>Enterococcus faecalis</i>	0.026	●
Productora de trimetilamina		
<i>Paraprevotella clara</i>	0.988	●
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	0.092	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Prevotella melaninogenica</i>	0.019	●
<i>Desulfovibrio desulfuricans</i>	0.015	●
<i>Prevotella intermedia</i>	0.014	●
<i>Prevotella veroralis</i>	0.007	●
<i>Clostridium botulinum</i>	0.005	●
<i>Clostridium baratii</i>	0.005	●
<i>Prevotella corporis</i>	0.005	●
<i>Pseudomonas putida</i>	0.005	●
<i>Hoylella buccalis</i>	0.004	●
<i>Prevotella bivia</i>	0.004	●
<i>Lacrimispora sphenoides</i>	0.004	●
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	0.004	●
<i>Hathewayia histolytica</i>	0.004	▼▼▼
<i>Hathewayia histolytica</i>	0.004	▼▼▼
Productora de IAA		
<i>Providencia rettgeri</i>	0.005	▲
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
Productora de etanol		
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	0.591	●
<i>Dorea longicatena</i>	0.338	●
<i>Enterocloster bolteae</i>	0.080	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.053	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Lachnospira eligens</i>	0.340	▼▼
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	0.046	▼
Formadora del estroboloma		

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	2.458	●
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	0.591	●
<i>Roseburia hominis</i>	0.288	●
<i>Lachnospira eligens</i>	0.340	▼▼
Productora de S-EQUOL		
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Ruminococcus sp. SR1/5</i>	0.249	●
<i>Blautia producta</i>	0.082	●
<i>Enterococcus faecalis</i>	0.026	●
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	0.019	●
<i>Adlercreutzia hattorii</i>	0.007	▼▼
Consumidora de S-EQUOL		
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	0.019	●
<i>Tannerella forsythia</i>	0.010	●
Productora de vitamina B9		
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●
<i>Lactococcus lactis</i>	0.005	●
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.005	●
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.011	▼
Productora de vitamina B12		
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.053	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
Productora de vitamina K2		
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
<i>Lactococcus lactis</i>	0.005	●
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Blautia wexlerae</i>	1.370	▲
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Walteria intestinalis</i>	0.109	●
<i>Streptomyces laculatispora</i>	0.035	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Enterococcus faecalis</i>	0.026	●
<i>Streptomyces sp. NBC_01766</i>	0.012	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.005	●
<i>Clostridium botulinum</i>	0.005	●
<i>Clostridium baratii</i>	0.005	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	▼▼▼
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	0.008	▼▼▼
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	0.008	▼▼▼
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.011	▼
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0.008	▼

Listado completo de especies detectadas

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
Bacteria		
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	17.563	▲▲▲
<i>Phocaeicola massiliensis</i>	8.282	▲▲▲
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	0.654	▲▲▲
<i>Anaerostipes hadrus</i>	0.621	▲▲▲
<i>Clostridiales bacterium</i>	0.065	▲▲▲
<i>Bacteroides heparinolyticus</i>	0.037	▲▲▲
<i>Romboutsia ilealis</i>	0.031	▲▲▲
<i>Enterocloster asparagiformis</i>	0.029	▲▲▲
<i>Bacteroides ovatus</i>	8.043	▲▲
<i>Roseburia intestinalis</i>	2.985	▲▲
<i>Alistipes finegoldii</i>	2.473	▲
<i>Bifidobacterium longum</i>	1.008	▲
<i>Bacteroides caecimuris</i>	0.091	▲
<i>Blautia wexlerae</i>	1.370	▲
<i>Flavonifractor plautii</i>	0.410	▲
<i>Phocaeicola salanitronis</i>	0.177	▲
<i>Providencia rettgeri</i>	0.005	▲
<i>Agathobacter rectalis</i>	4.003	●
<i>Bacteroides uniformis</i>	3.646	●
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	2.458	●
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	2.175	●
<i>Parabacteroides distasonis</i>	2.041	●
<i>Bacteroides caccae</i>	1.591	●
<i>Bacteroides fragilis</i>	1.476	●
<i>Oscillospiraceae bacterium</i>	1.269	●
<i>Phocaeicola dorei</i>	1.162	●
<i>Paraprevotella clara</i>	0.988	●
<i>Escherichia coli</i>	0.967	●
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	0.851	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.633	●
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	0.591	●
<i>butyrate-producing bacterium SS3/4</i>	0.556	●
<i>Butyricimonas faecihominis</i>	0.524	●
<i>Bacteroides faecis</i>	0.467	●
<i>Coprococcus comes</i>	0.436	●
<i>Lachnospiraceae bacterium</i>	0.406	●
<i>[Ruminococcus] lactaris</i>	0.371	●
<i>Dysosmobacter welbionis</i>	0.349	●
<i>Dorea longicatena</i>	0.338	●
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	0.315	●
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.303	●
<i>Blautia</i> sp. SC05B48	0.296	●
<i>Roseburia hominis</i>	0.288	●
<i>Alistipes communis</i>	0.268	●
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	0.255	●
<i>Ruminococcus</i> sp. SR1/5	0.249	●
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	0.239	●
<i>Blautia obeum</i>	0.212	●
<i>Shigella flexneri</i>	0.167	●
<i>Bacteroides salyersiae</i>	0.166	●
<i>[Eubacterium] siraeum</i>	0.151	●
<i>[Ruminococcus] torques</i>	0.130	●
<i>Barnesiella viscericola</i>	0.122	●
<i>Dorea formicigenerans</i>	0.115	●
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.111	●
<i>Waltera intestinalis</i>	0.109	●
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	0.092	●
<i>Bacteroides nordii</i>	0.088	●
<i>Blautia producta</i>	0.082	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Enterocloster bolteae</i>	0.080	●
<i>Blautia coccoides</i>	0.075	●
<i>Lawsonibacter asaccharolyticus</i>	0.067	●
<i>Bacteroides eggerthii</i>	0.065	●
<i>Intestinibacter bartlettii</i>	0.064	●
<i>Salmonella enterica</i>	0.063	●
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	0.060	●
<i>Segatella copri</i>	0.058	●
<i>Parabacteroides merdae</i>	0.056	●
<i>Bacteroides intestinalis</i>	0.056	●
<i>[Clostridium] scindens</i>	0.054	●
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.053	●
<i>Bacteroides helcogenes</i>	0.049	●
<i>Clostridioides difficile</i>	0.049	●
<i>Veillonella parvula</i>	0.042	●
<i>Enterocloster clostridioformis</i>	0.042	●
<i>Butyricimonas virosa</i>	0.038	●
<i>Hungatella hathewayi</i>	0.037	●
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	0.037	●
<i>Streptomyces laculatispora</i>	0.035	●
<i>Coprobacter secundus</i>	0.035	●
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	0.035	●
<i>Coprococcus catus</i>	0.031	●
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.030	●
<i>Clostridium perfringens</i>	0.030	●
<i>Alistipes senegalensis</i>	0.029	●
<i>Coprobacter fastidiosus</i>	0.029	●
<i>Oscillibacter valericigenes</i>	0.029	●
<i>Enterococcus faecalis</i>	0.026	●
<i>Roseburia inulinivorans</i>	0.024	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Thomasclavelia ramosa</i>	0.023	●
<i>Streptococcus salivarius</i>	0.020	●
<i>Prevotella melaninogenica</i>	0.019	●
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	0.019	●
<i>Thomasclavelia spiroformis</i>	0.019	●
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	0.019	●
<i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i>	0.016	●
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	0.016	●
<i>Anaerotruncus colihominis</i>	0.015	●
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	0.015	●
<i>Desulfovibrio desulfuricans</i>	0.015	●
<i>Alistipes putredinis</i>	0.015	●
<i>Eubacterium ventriosum</i>	0.014	●
<i>Prevotella intermedia</i>	0.014	●
<i>Streptomyces sp. NBC_01766</i>	0.012	●
<i>Prevotella sp. CAG:1058</i>	0.012	●
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.011	●
<i>Bacillus licheniformis</i>	0.011	●
<i>Subdoligranulum variabile</i>	0.010	●
<i>Desulfovibrio piger</i>	0.010	●
<i>Marvinbryantia formatexigens</i>	0.010	●
<i>Tannerella forsythia</i>	0.010	●
<i>Streptococcus pasteurianus</i>	0.010	●
<i>Coprococcus eutactus</i>	0.008	●
<i>Alistipes indistinctus</i>	0.008	●
<i>Terrisporobacter mayombe</i>	0.008	●
<i>Dysgonomonas capnocytophagoides</i>	0.008	●
<i>Ruminococcus albus</i>	0.007	●
<i>Anaerocolumna sedimenticola</i>	0.007	●
<i>Streptococcus oralis</i>	0.007	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Prevotella veroralis</i>	0.007	●
<i>Bilophila wadsworthia</i>	0.007	●
<i>Lactococcus lactis</i>	0.005	●
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.005	●
<i>Clostridium baratii</i>	0.005	●
<i>Veillonella atypica</i>	0.005	●
<i>Prevotella corporis</i>	0.005	●
<i>Pseudomonas putida</i>	0.005	●
<i>Anaerotignum propionicum</i>	0.005	●
<i>Streptococcus mitis</i>	0.005	●
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	0.005	●
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	0.005	●
<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.005	●
<i>Clostridium botulinum</i>	0.005	●
<i>Faecalitalea cylindroides</i>	0.004	●
<i>Hoylella buccalis</i>	0.004	●
<i>Prevotella bivia</i>	0.004	●
<i>Lacrimispora sphenoides</i>	0.004	●
<i>Granulicatella adiacens</i>	0.004	●
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	0.004	●
<i>[Eubacterium] sulci</i>	0.004	●
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	0.008	▼▼▼
<i>Ligilactobacillus ruminis</i>	0.007	▼▼▼
<i>Hathewayia histolytica</i>	0.004	▼▼▼
<i>Lachnospira eligens</i>	0.340	▼▼
<i>Oscillibacter sp. PEA192</i>	0.193	▼▼
<i>Bacteroides stercoris</i>	0.156	▼▼
<i>Bacteroides sp. A1C1</i>	0.154	▼▼
<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	0.068	▼▼
<i>Alistipes shahii</i>	0.043	▼▼

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Blautia argi</i>	0.018	▼▼
<i>Blautia pseudococcoides</i>	0.014	▼▼
<i>Alistipes dispar</i>	0.011	▼▼
<i>Alistipes megaguti</i>	0.011	▼▼
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.007	▼▼
<i>Adlercreutzia hattorii</i>	0.007	▼▼
<i>Anaerostipes rhamnosivorans</i>	0.007	▼▼
<i>Alistipes sp. dk3624</i>	0.004	▼▼
<i>Mycobacteroides abscessus</i>	0.004	▼▼
<i>Bacteroides humanifaecis</i>	0.140	▼
<i>Simiaoa sunii</i>	0.038	▼
<i>Coprococcus sp. ART55/1</i>	0.015	▼
<i>Chryseobacterium gambrini</i>	0.005	▼
<i>Nitratidesulfovibrio vulgaris</i>	0.004	▼
<i>Bacteroides finegoldii</i>	0.185	▼
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.086	▼
<i>Lachnospiraceae bacterium GAM79</i>	0.083	▼
<i>Parabacteroides goldsteinii</i>	0.030	▼
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	0.030	▼
<i>Butyricimonas faecalis</i>	0.029	▼
<i>Butyrivibrio crossotus</i>	0.026	▼
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	0.018	▼
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.011	▼
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0.008	▼
<i>Butyrivibrio proteoclasticus</i>	0.007	▼
<i>Variovorax paradoxus</i>	0.007	▼
<i>Empedobacter brevis</i>	0.005	▼
<i>Megamonas funiformis</i>	0.004	▼
<i>Bacillus cereus</i>	0.004	▼
<i>Streptococcus macedonicus</i>	0.004	▼

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides</i> sp. DH3716P	4.042	●
<i>uncultured bacterium</i>	1.639	●
<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	0.868	●
<i>Faecalibacterium taiwanense</i>	0.677	●
<i>Phocaeicola coprophilus</i>	0.610	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. I2-3-92	0.450	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. i25-0019-C1	0.428	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. i21-0019-B1	0.406	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. IP-3-29	0.334	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. I4-3-84	0.231	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. IP-1-18	0.183	●
<i>Barnesiella</i> sp. An22	0.173	●
<i>Bacteroides</i> sp. M10	0.167	●
<i>Roseburia</i> sp. 831b	0.162	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. I3-3-89	0.143	●
<i>Vescimonas coprocola</i>	0.140	●
<i>Roseburia rectibacter</i>	0.133	●
<i>Bacteroides luhongzhouii</i>	0.118	●
<i>Dysosmobacter</i> sp. Marseille-Q4140	0.115	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. I4-1-79	0.105	●
<i>[Bacteroides] pectinophilus</i>	0.102	●
<i>Bacteroides faecium</i>	0.101	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. HTF-F	0.096	●
<i>Bacteroides</i> sp. CACC 737	0.091	●
<i>Pusillibacter faecalis</i>	0.084	●
<i>Bacteroidales bacterium</i> SW299	0.084	●
<i>bacterium</i>	0.084	●
<i>Clostridium</i> sp. M62/1	0.079	●
<i>Bacteroides</i> sp. D2	0.077	●
<i>Acinetobacter seifertii</i>	0.077	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Bacteroides</i> sp. PHL 2737	0.075	●
<i>Clostridiales</i> bacterium CCNA10	0.073	●
<i>Alistipes</i> <i>ihumii</i>	0.073	●
<i>Odoribacteraceae</i> bacterium	0.072	●
<i>Butyricimonas</i> <i>paravirosa</i>	0.065	●
<i>Faecalibacterium</i> sp. I3-3-33	0.065	●
<i>Vescimonas</i> <i>fastidiosa</i>	0.064	●
<i>Clostridiaceae</i> bacterium Marseille-Q4149	0.063	●
<i>Parabacteroides</i> sp. AD58	0.056	●
uncultured bacterium EB2	0.054	●
<i>Bacteroidales</i> bacterium	0.049	●
<i>Bacteroides</i> sp. HF-162	0.049	●
<i>Oscillibacter</i> <i>hominis</i>	0.049	●
<i>Bacteroidaceae</i> bacterium	0.048	●
<i>Candidatus</i> <i>Gallibacteroides</i> <i>avistercoris</i>	0.045	●
<i>Faecalicatena</i> sp. Marseille-Q4148	0.042	●
<i>Oscillospiraceae</i> bacterium NTUH-002-81	0.041	●
<i>Roseburia</i> sp. 499	0.039	●
<i>Blautia</i> <i>luti</i>	0.038	●
<i>Streptomyces</i> sp. NBC_01178	0.035	●
<i>Bacteroides</i> <i>sedimenti</i>	0.035	●
<i>Citrobacter</i> <i>portucalensis</i>	0.034	●
<i>Pseudoflavonifractor</i> <i>gallinarum</i>	0.033	●
<i>Clostridium</i> sp. C1	0.031	●
<i>Bacteroides</i> <i>zhangwenhongii</i>	0.030	●
<i>Parabacteroides</i> <i>chongii</i>	0.030	●
<i>Clostridia</i> bacterium i40-0019-1A8	0.030	●
<i>Massilimicrobiota</i> <i>timonensis</i>	0.029	●
<i>Eisenbergiella</i> <i>porci</i>	0.027	●
<i>Lachnospiraceae</i> bacterium JLR.KK009	0.023	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Prolixibacteraceae bacterium</i>	0.023	●
<i>Faecalimonas umbilicata</i>	0.023	●
<i>uncultured Porphyromonadaceae bacterium</i>	0.023	●
<i>Christensenellaceae bacterium</i>	0.022	●
<i>Flintibacter sp. KGMB00164</i>	0.022	●
<i>Holdemania massiliensis</i>	0.020	●
<i>[Eubacterium] hominis</i>	0.020	●
<i>uncultured Eubacteriales bacterium</i>	0.018	●
<i>Bacteroides sp. MSB163</i>	0.018	●
<i>Candidatus Faecalibacterium intestinigallinarum</i>	0.018	●
<i>Parabacteroides sp. An277</i>	0.018	●
<i>Ruminococcus gauvreauii</i>	0.018	●
<i>Agathobaculum sp. NTUH-015-33</i>	0.016	●
<i>Wansuia hejianensis</i>	0.016	●
<i>Agathobaculum massiliense</i>	0.016	●
<i>Wujia chipingensis</i>	0.015	●
<i>Anaeromicropila herbilytica</i>	0.015	●
<i>Candidatus Gemmiger excrementipullorum</i>	0.014	●
<i>Lachnoanaerobaculum umeaense</i>	0.014	●
<i>Segatella hominis</i>	0.012	●
<i>Claveliimonas bilis</i>	0.012	●
<i>Lachnoclostridium phytofermentans</i>	0.012	●
<i>Muribaculaceae bacterium</i>	0.012	●
<i>Ruminococcus sp.</i>	0.011	●
<i>uncultured Bacteroidales bacterium</i>	0.011	●
<i>Mediterraneibacter glycyrrhizinilyticus</i>	0.011	●
<i>Lachnoclostridium phocaeense</i>	0.011	●
<i>Lachnospiraceae bacterium JLR.KK008</i>	0.011	●
<i>Longicatena caecimuris</i>	0.011	●
<i>Parabacteroides faecis</i>	0.011	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>butyrate-producing bacterium SM4/1</i>	0.011	●
<i>Lactococcus cremoris</i>	0.011	●
<i>Lachnospiraceae bacterium KM106-2</i>	0.010	●
<i>Firmicutes bacterium ASF500</i>	0.010	●
<i>Massilistercora timonensis</i>	0.010	●
<i>Lacrimispora xylanolytica</i>	0.010	●
<i>Veillonella nakazawae</i>	0.010	●
<i>Anaerotruncus sp.</i>	0.008	●
<i>Oscillospiraceae bacterium D1</i>	0.008	●
<i>Streptomyces sp. NBC_01231</i>	0.008	●
<i>Qiania dongpingensis</i>	0.008	●
<i>Kineothrix sp. IPX-CK</i>	0.008	●
<i>Lachnospiraceae bacterium KGMB03038</i>	0.008	●
<i>Lacrimispora xylanisolvens</i>	0.008	●
<i>Clostridiales genomosp. BVAB1</i>	0.008	●
<i>Pseudobutyrvibrio xylanivorans</i>	0.008	●
<i>Allocoprobacillus halotolerans</i>	0.008	●
<i>Erysipelotrichaceae bacterium 66202529</i>	0.008	●
<i>Draconibacterium orientale</i>	0.008	●
<i>Niabella ginsenosidivorans</i>	0.008	●
<i>Streptomyces sp. NBC_01340</i>	0.007	●
<i>uncultured Oscillospiraceae bacterium</i>	0.007	●
<i>Coprococcus phoceensis</i>	0.007	●
<i>Bacteroides zoogloformans</i>	0.007	●
<i>Candidatus Scatomonas sp.</i>	0.007	●
<i>Novisyntrophococcus fermenticellae</i>	0.007	●
<i>Prevotella communis</i>	0.007	●
<i>Xylanibacter ruminicola</i>	0.007	●
<i>Lachnospiraceae bacterium oral taxon 096</i>	0.007	●
<i>Desulfovibrionaceae bacterium</i>	0.007	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Romboutsia</i> sp. CE17	0.007	●
<i>Segatella baroniae</i>	0.007	●
<i>Nitratidesulfovibrio liaohensis</i>	0.007	●
<i>Macellibacteroides fermentans</i>	0.007	●
<i>Desulfomicrobium orale</i>	0.007	●
<i>Alicyclobacillus</i> sp. S09	0.007	●
<i>Chryseobacterium</i> sp. Y16C	0.007	●
<i>Solibaculum mannosilyticum</i>	0.005	●
<i>Dehalococcoidia bacterium</i>	0.005	●
<i>Lacrimispora</i> sp. BS-2	0.005	●
<i>Anaerocolumna chitinilytica</i>	0.005	●
<i>Anaerostipes</i> sp. PC18	0.005	●
<i>Sphaerochaetaceae bacterium</i>	0.005	●
<i>Candidatus Coprenecus stercorigallinarum</i>	0.005	●
<i>Solobacterium moorei</i>	0.005	●
<i>Prevotella</i> sp. GTC17262	0.005	●
<i>Terriglobia bacterium</i>	0.005	●
<i>Bacteroidales bacterium F22</i>	0.005	●
<i>Proteiniphilum propionicum</i>	0.005	●
<i>Pectobacterium brasiliense</i>	0.005	●
<i>Dysgonomonas</i> sp. HDW5B	0.005	●
<i>Flavobacterium</i> sp. KACC 22761	0.005	●
<i>Corynebacterium durum</i>	0.005	●
<i>Lawsonia intracellularis</i>	0.005	●
<i>Burkholderia vietnamiensis</i>	0.005	●
<i>Candidatus Minimicrobia</i> sp. QA0096	0.005	●
<i>Elizabethkingia ursingii</i>	0.005	●
<i>uncultured Clostridia bacterium</i>	0.004	●
<i>Eubacterium</i> sp. MSJ-33	0.004	●
<i>Candidatus Borkfalkia faecavium</i>	0.004	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Chordicoccus furentiruminis</i>	0.004	●
<i>Christensenella massiliensis</i>	0.004	●
<i>Anaerocolumna</i> sp. AGMB13020	0.004	●
<i>Anaerocolumna</i> sp. AGMB13025	0.004	●
<i>Mordavella massiliensis</i>	0.004	●
<i>Anaerovoracaceae</i> bacterium	0.004	●
<i>Anaerotignum</i> sp. MB30-C6	0.004	●
<i>Herbinix luporum</i>	0.004	●
uncultured <i>Firmicutes</i> bacterium	0.004	●
<i>Clostridium</i> sp. JN-1	0.004	●
<i>Erysipelatoclostridium</i> sp. An173	0.004	●
<i>Intestinibaculum porci</i>	0.004	●
<i>Paludibacteraceae</i> bacterium	0.004	●
<i>Coprobacillaceae</i> bacterium CR2/5/TPMF4	0.004	●
<i>Prochlorococcus marinus</i>	0.004	●
<i>Dysgonomonadaceae</i> bacterium zrk40	0.004	●
<i>Veillonella</i> sp. S12025-13	0.004	●
<i>Peptostreptococcaceae</i> bacterium AGR-M142	0.004	●
<i>Alkaliphilus</i> sp. B6464	0.004	●
<i>Shewanella baltica</i>	0.004	●
<i>Pseudomonas mendocina</i>	0.004	●
<i>Ornithobacterium rhinotracheale</i>	0.004	●
<i>Streptomyces antimycoticus</i>	0.004	●
<i>Bacillus tropicus</i>	0.004	●
<i>Pseudodesulfovibrio tunisiensis</i>	0.004	●
<i>Metabacillus sediminilitoris</i>	0.004	●
<i>Echinicola marina</i>	0.004	●
<i>Clostridium</i> sp. AWRP	0.004	●
<i>Labilibaculum antarcticum</i>	0.004	●
<i>Streptomyces albus</i>	0.004	●

Microorganismo	Abundancia relativa (%)	Resultado
<i>Flavobacterium sp. CLA17</i>	0.004	●
<i>Flavobacterium sp. YJ01</i>	0.004	●
<i>Capnocytophaga canimorsus</i>	0.004	●
<i>Vibrio furnissii</i>	0.004	●
<i>Zobellia laminariae</i>	0.004	●
<i>Massilia varians</i>	0.004	●
<i>Marivirga salinae</i>	0.004	●
<i>Aeromonas jandaei</i>	0.004	●
<i>Methylobacterium sp. FF17</i>	0.004	●
<i>Photobacterium sp. GJ3</i>	0.004	●
<i>Marinomonas pontica</i>	0.004	●
<i>Nostoc sp. UHCC 0926</i>	0.004	●
Fungi		
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	0.046	●
<i>Rhizophagus irregularis</i>	0.004	●
<i>Wickerhamomyces ciferrii</i>	0.004	●
<i>uncultured fungus</i>	0.016	●
<i>Thyridium curvatum</i>	0.004	●
<i>Bacidia gigantea</i>	0.004	●
Viruses		
<i>Caudoviricetes sp.</i>	2.722	●
<i>Bacteriophage sp.</i>	0.985	●
<i>Microviridae sp.</i>	0.399	●
<i>uncultured human fecal virus</i>	0.086	●
<i>Crassvirales sp.</i>	0.018	●
<i>Inoviridae sp.</i>	0.008	●
<i>uncultured phage</i>	0.033	●
<i>Siphoviridae sp. ctjdk2</i>	0.005	●
<i>unidentified plasmid</i>	0.887	●

A decorative graphic on the left side of the page, consisting of two large circles connected by a thick line. The top circle is blue and the bottom circle is green, matching the colors in the logo.

Contacto

Parque Científico
Universidad de Valencia
C/ Agustín Escardino Benlloch, 9
Paterna, Valencia
(+34)96 321 77 58

info@nexbiotalab.com
www.nexbiotalab.com