

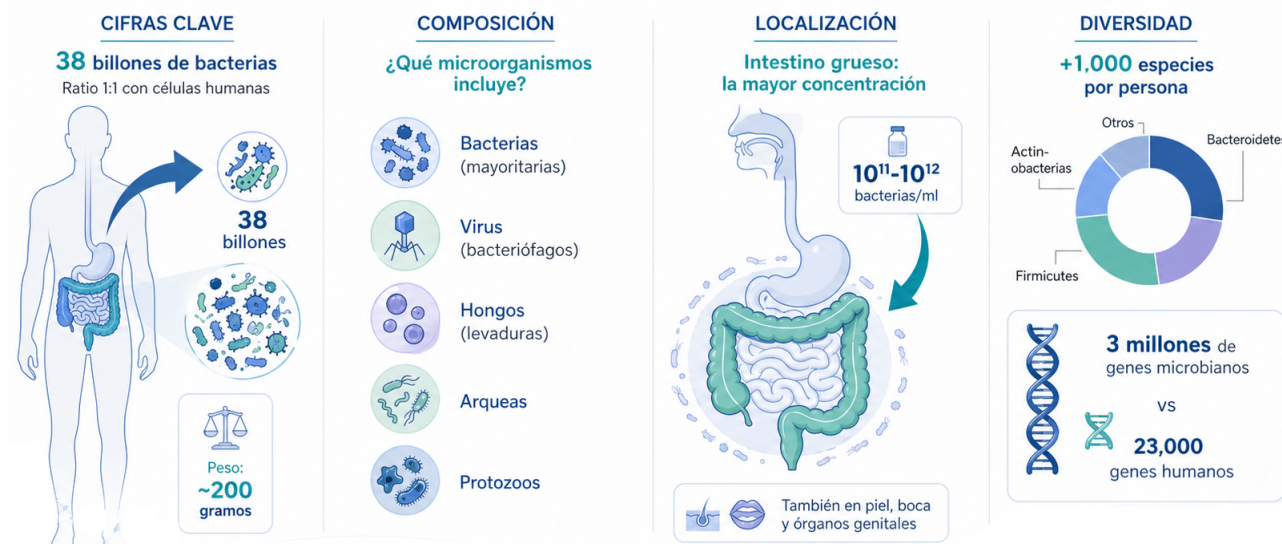


METAGENÓMICA

My Biota

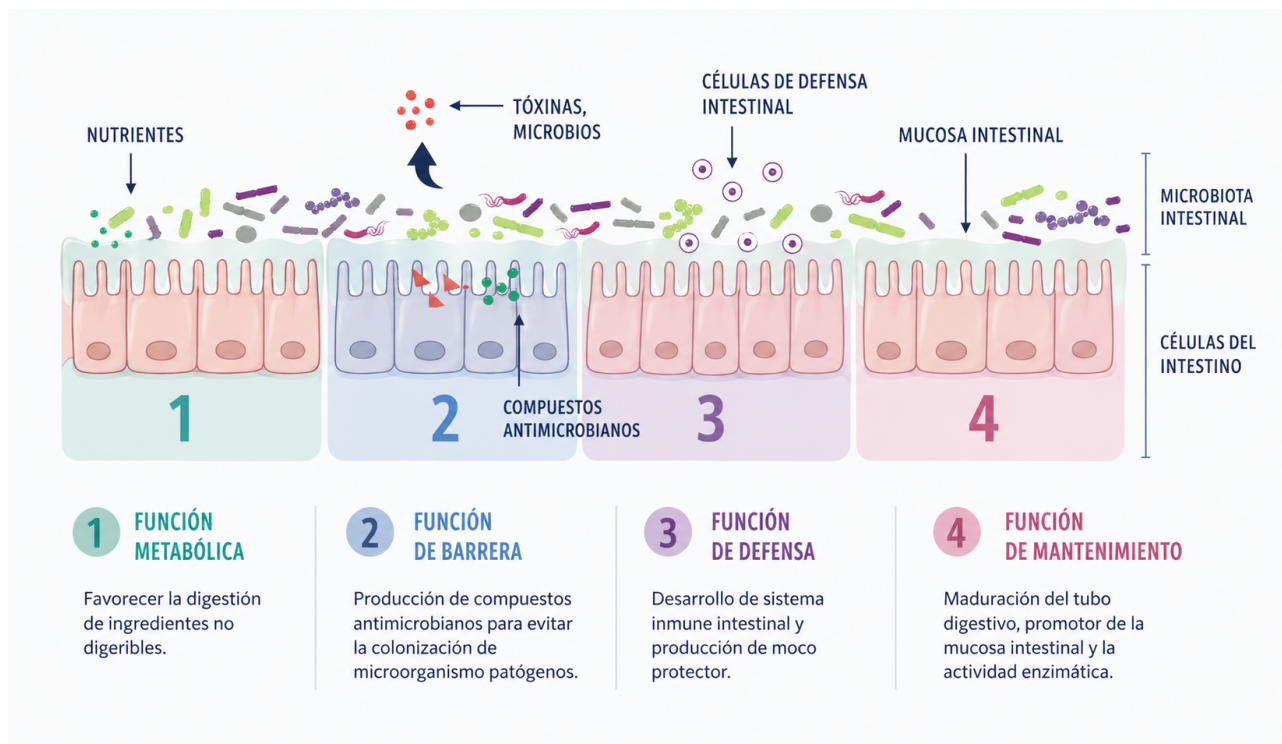
Microbioma intestinal

El microbioma intestinal hace referencia al conjunto de microorganismos que habitan en el intestino humano, incluyendo bacterias, arqueas, hongos y virus.



Funciones

Estos microorganismos desempeñan un papel fundamental en la salud, participando en funciones como la digestión, la producción de metabolitos, la regulación del sistema inmunitario y la protección frente a patógenos. El equilibrio entre estas comunidades microbianas es clave para el bienestar general.



Metagenómica:

Qué es y cuáles son sus beneficios

La metagenómica humana es el estudio del material genético colectivo de todos los microorganismos (bacterias, hongos, virus y arqueas) que habitan de forma natural en el cuerpo humano.

Este estudio emplea la técnica de secuenciación de ADN de lecturas largas (long reads) que, a diferencia de otras metodologías más limitadas como la secuenciación del gen 16S rRNA mediante NGS o los cultivos microbiológicos tradicionales, permite caracterizar el ADN microbiano completo. Esto permite:

- Identificar un mayor número de microorganismos, incluidos aquellos en baja proporción
- Analizar no solo qué microorganismos están presentes, sino también sus funciones
- Detectar posibles patógenos o desequilibrios microbianos
- Evaluar la diversidad intestinal, considerada un marcador importante de salud

Gracias a esta tecnología, se obtiene una visión más completa y precisa del ecosistema intestinal.

	16S	vs	Metagenómica
 ANÁLISIS	 Regiones del 16S		 Todo el ADN microbiano
 RESOLUCIÓN	Género Bacterias 		Especie Bacterias, virus, hongos y arqueas 
 INFORMACIÓN FUNCIONAL	Inferencia indirecta 		Análisis directo del potencial funcional 
	Predicción según bases de datos 		Genes y rutas metabólicas 
 APLICABILIDAD CLÍNICA	Visión general 		Mayor precisión 
	Estudios exploratorios 		Estudio de funciones metabólicas 

1 RESUMEN GLOBAL

A continuación se resumen el estado de los diferentes dominios funcionales analizados, indicando si existe alguna implicación clínica asociada a su estado y alguna recomendación o pauta.

Dominio funcional	Resultado	Implicación clínica	Recomendación *
Diversidad global	Desfavorable	Ecosistema intestinal sobrecargado	Revisar exceso de fermentación (azúcares, FODMAPs), valorar síntomas digestivos y posible SIBO/disbiosis fermentativa.
Homeostasis intestinal	Desfavorable	Alteración del dominio Homeostasis intestinal con posible repercusión funcional.	Revisar salud oral, encías, higiene dental, respiración oral, reflujo, hipoclorhidria y deglución; valorar odontología si persiste.
Estado de la mucosa	Desfavorable	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	Desfavorable	Compromiso importante de la barrera intestinal, con alto riesgo de hiperpermeabilidad ('leaky gut'), paso de endotoxinas y activación inmunitaria sistémica.	Intervención intensiva sobre la barrera intestinal: dieta antiinflamatoria rica en vegetales, frutas y grasas saludables; retirar ultraprocesados, azúcares simples y alcohol; priorizar fibras prebióticas (inulina, FOS, almidón resistente); valorar suplementación con glutamina, zinc, omega-3 y probióticos con efecto sobre barrera (p.ej. cepas productoras de butirato); revisar uso de AINEs, IBP u otros fármacos que puedan dañar la mucosa.
Inflamación intestinal	Desfavorable	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.
Inflamación y sistema inmune	Favorable	Dominio Inflamación y sistema inmune conservado.	Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.
Infección	Desfavorable	Dominio Infección sin datos disponibles.	No se disponen pautas específicas para este estado.
Aminas biógenas	Desfavorable	Alteración del dominio Aminas biógenas con posible repercusión funcional.	Dieta baja histamina temporal, comida fresca, revisar estreñimiento, mastocitos, alergias e inflamación. Reducir sustrato que alimenta la vía alterada; pauta progresiva; controlar tránsito; revisar tolerancia a fibra; tratar estreñimiento si metano; revisar carga proteica; manejo estrés; sueño; ejercicio; repetir estudio/seguimiento si clínica intensa.

Fermentación sacárida (SCFA)	Favorable	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	Desfavorable	Alta disparidad entre producción y consumo de butirato con riesgo de déficit severo para la barrera intestinal.	Intervención intensiva: aumentar fibras fermentables, prebióticos, almidón resistente y considerar probióticos productores de butirato.
Producción de gases	Desfavorable	Hiperproducción simultánea de metano y/o sulfuro de hidrógeno asociada a distensión, enlentecimiento intestinal o irritación mucosa.	Revisar dieta fermentativa, reducir azúcares simples y alimentos sulfurados; aumentar fibra soluble, polifenoles y considerar probióticos reguladores de metano y sulfuro.
Metabolismo sacarolítico	Desfavorable	Alteración del dominio Metabolismo sacarolítico con posible repercusión funcional.	Reducir sustrato que alimenta la vía alterada; pauta progresiva; controlar tránsito; revisar tolerancia a fibra; tratar estreñimiento si metano; revisar carga proteica; manejo estrés; sueño; ejercicio; repetir estudio/seguimiento si clínica intensa. Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.
Digestión de grasas	Desfavorable	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.
Proteólisis / putrefacción	Desfavorable	Producción excesiva de metabolitos proteolíticos (BSCFA, fenoles, aminas) asociados a inflamación y disfunción de mucosa.	Reducir proteína animal, aumentar fibra fermentable, polifenoles y prebióticos; considerar probióticos reductores de BSCFA proteolíticos.
Especies probióticas	Favorable	Dominio Probióticos conservado.	Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.
Micobiota	Favorable	Equilibrio adecuado entre hongos y bacterias sin hallazgos relevantes.	Mantener hábitos actuales y dieta rica en vegetales variados.
Parásitos	Ausencia	No se observan indicios relevantes de parasitosis en el análisis.	Mantener hábitos higiénico-dietéticos y dieta equilibrada rica en fibra.
Metabolismo estrógenos	Desfavorable	Alteración del dominio Metabolismo estrógenos con posible repercusión funcional.	Precaución en antecedentes hormonodependientes; individualizar. Reducir sustrato que alimenta la vía alterada; pauta progresiva; controlar tránsito; revisar tolerancia a fibra; tratar estreñimiento si metano; revisar carga proteica; manejo estrés; sueño; ejercicio; repetir estudio/seguimiento si clínica intensa.

Vitaminas	Favorable	Dominio Vitaminas conservado.	Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.
Neurotransmisores	Favorable	Dominio Neurotransmisores conservado.	En TEA/SNC sensible, introducir de forma muy gradual; vigilar hiperreactividad. Precaución con ISRS/medicación; no suplementar triptófano/5-HTP sin criterio clínico. Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.
Eje intestino cerebro	Favorable	Dominio Eje intestino cerebro conservado.	Usar reglas contextuales: síntomas, tránsito, histamina, gases, SNC, hígado, hormonal; introducir cambios por fases. No suplementar triptófano sin valorar serotonina/medicación; potenciar microbiota productora. Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.
Eje intestino piel	Favorable	Dominio Eje intestino piel conservado.	Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.
Eje intestino corazón	Favorable	Dominio Eje intestino corazón conservado.	Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.
Eje intestino hígado	Favorable	Dominio Eje intestino hígado conservado.	No se disponen pautas específicas para este estado.
Intolerancias alimentarias	Favorable	Dominio Intolerancias conservado.	Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas.

* Las recomendaciones propuestas se plantean como sugerencias basadas en el perfil microbiológico observado, debiendo ser individualizadas y ajustadas según la situación clínica, evolución y criterio profesional.

METABOLITOS MICROBIANOS

Los metabolitos microbianos son compuestos generados por la microbiota intestinal a partir de los procesos metabólicos realizadas por las mismas, como es el caso de la fermentación de nutrientes. Estos compuestos pueden influir en procesos como la inflamación, la permeabilidad intestinal, el metabolismo energético o la regulación del eje intestino-cerebro.

Metabolito	Estado	Interpretación
Butirato	Bajo	Menor soporte de barrera, menor tono antiinflamatorio y mayor vulnerabilidad de mucosa.
Propionato	Alto	Puede indicar fermentación aumentada; vigilar distensión o gases.
Lactato	Alto	Acumulación por baja conversión; posible relación con distensión, acidez y disconfort.
Succinato	Alto	Se asocia a fermentación incompleta, posible inflamación y disbiosis gramnegativa contextual.
LPS / Endotoxina	Alto	Mayor riesgo de inflamación de bajo grado, permeabilidad y activación inmune.
Amonio / Amoniaco	Alto	Mayor carga tóxica local, irritación de mucosa y posible sobrecarga detox.
H ₂ S / Sulfuro de hidrógeno	Alto	Puede asociarse a gases sulfurados, irritación de mucosa, diarrea o inflamación contextual.
Hidrógeno	Alto	Puede asociarse a distensión, gases y fermentación excesiva.
Indoles	Alto	Puede reflejar proteólisis excesiva o exceso de triptófano bacteriano según contexto.
GABA	Alto	Exceso no siempre es clínicamente útil; interpretar con microbiota y síntomas.
Histamina	Alto	Puede contribuir a cefalea, urticaria, rinitis, diarrea, ansiedad o reactividad alimentaria.
Serotonina / 5-HT intestinal	Alto	Puede asociarse a hipermotilidad o reactividad; interpretar con clínica.
Beta-glucuronidasa / Estroboloma	Alto	Mayor desconjugación y recirculación estrogénica; relevante en síntomas hormonales.
Mucina / degradación de mucosa	Alto	Exceso puede indicar consumo de moco por baja fibra o disbiosis, con riesgo de barrera.

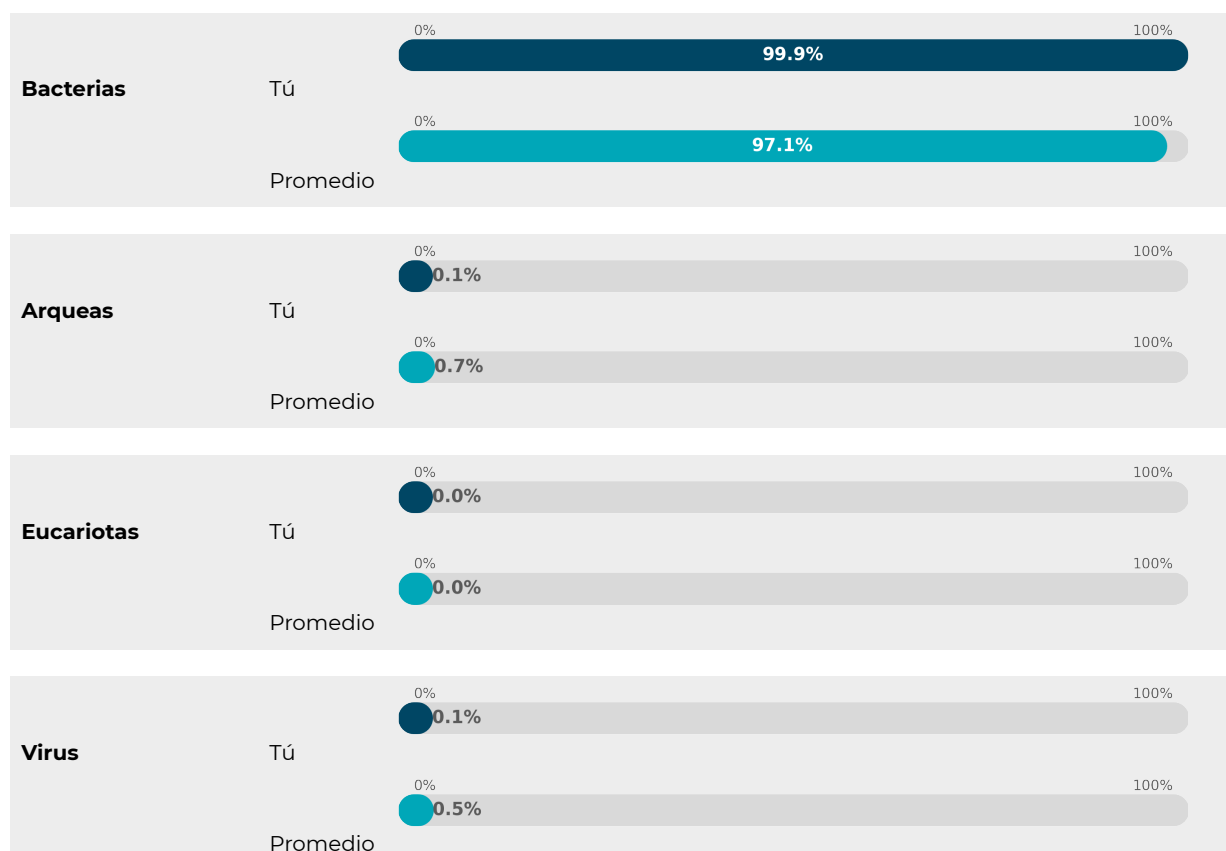
2 COMPOSICIÓN DE LA MUESTRA

Este apartado resume los principales indicadores de calidad y equilibrio de tu microbiota intestinal. A través de estos parámetros evaluamos la diversidad microbiana, el balance entre grupos bacterianos clave y la diversidad de microorganismos global, permitiendo obtener una visión general del estado de tu ecosistema intestinal.

Parámetro	Rangos de referencia	Resultado
Diversidad (Índice de Shannon)	2.15-3.42	3.69
Ratio <i>Firmicutes</i> / <i>Bacteroidetes</i>	1-10	0.27
Riqueza	>35	432

La mayor parte del ADN presente en la muestra corresponde a microorganismos, especialmente bacterias. Además de otros grupos como arqueas, eucariotas y virus.

A continuación se muestra la proporción de grupos taxonómicos presentes en tu muestra en comparación con los valores promedio de la base de datos de referencia.



3 BLOQUE MICROBIOLÓGICO

BACTERIAS

En este apartado se muestran las bacterias con mayor desviación respecto a los valores de referencia, diferenciando entre bacterias con abundancias superiores a las de referencia (elevadas) e inferiores (disminuidas). Se incluye su abundancia relativa, el rango de referencia y su posible impacto funcional.

Bacterias elevadas

Microorganismo	Referencia (%)	Abundancia (%)		Resultado	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i>	0.0 – 0.315	6.047	▲	Alto	Productora de hidrógeno, Productores de BCFA, Productora de indol
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.0 – 0.01	0.755	▲	Alto	Productora de lipopolisacáridos (LPS), Productora de propionato, Productoras de succinato
<i>Bilophila wadsworthia</i>	0.0 – 0.139	2.07	▲	Alto	Productora de sulfuro de hidrógeno, Proinflamatoria, Productora de lipopolisacáridos (LPS)
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	0.0 – 0.613	2.829	▲	Alto	Productora de propionato, Consumidoras de succinato
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	0.0 – 0.043	0.621	▲	Alto	Inmunomoduladora
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	0.0 – 0.0	0.203	▲	Alto	Productora de sulfuro de hidrógeno, Consumidora de butirato
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	0.0 – 0.472	1.161	▲	Alto	Productora de acetato, Productoras de succinato, Productora de trimetilamina
<i>Parabacteroides goldsteinii</i>	0.0 – 0.085	0.293	▲	Alto	Productores de BCFA
<i>Alistipes shahii</i>	0.0 – 0.643	2.728	▲	Alto	Productora de butirato, Productoras de succinato, Productora de indol
<i>Bacteroides nordii</i>	0.0 – 0.005	0.182	▲	Alto	Productora de hidrógeno, Productores de BCFA

Bacterias disminuidas

Microorganismo	Referencia (%)	Abundancia (%)		Resultado	Impacto funcional
<i>Bacteroides sp. ZJ-18</i>	8.0 – 45.0	0.002	▼	Bajo	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides sedimenti</i>	8.0 – 45.0	0.004	▼	Bajo	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	8.0 – 45.0	0.005	▼	Bajo	Productora de hidrógeno, Productores de BCFA
<i>Bacteroides maternus</i>	8.0 – 45.0	0.006	▼	Bajo	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides zoogloeoformans</i>	8.0 – 45.0	0.008	▼	Bajo	Productores de BCFA
<i>Bacteroides helcogenes</i>	8.0 – 45.0	0.01	▼	Bajo	Productora de hidrógeno, Productores de BCFA
<i>Bacteroides pyogenes</i>	8.0 – 45.0	0.016	▼	Bajo	Sin categoría funcional descrita

<i>Bacteroides mucinivorans</i>	8.0 – 45.0	0.017	▼	Bajo	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides sp. HF-162</i>	8.0 – 45.0	0.036	▼	Bajo	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides caecimuris</i>	8.0 – 45.0	0.04	▼	Bajo	Productora de hidrógeno, Productores de BCFA

HONGOS Y LEVADURAS

No se han detectado hongos o levaduras a niveles significativos en la muestra analizada.

Panel analizado	Resultado
48 especies	No detectadas

Entre las especies analizadas se incluyen: *Aspergillus flavus*, *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus nidulans*, *Aspergillus niger*, *Aspergillus oryzae*, *Aspergillus terreus*, *Blastomyces dermatitidis*, *Candida albicans*, *Candida auris*, *Candida dubliniensis*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida lusitaniae*, *Candida metapsilosis*, *Candida orthopsilosis*, *Candida parapsilosis*, *Candida tropicalis*, entre otras.

PARÁSITOS

No se han detectado parásitos a niveles significativos en la muestra analizada.

Panel analizado	Resultado
33 especies	No detectadas

Entre las especies analizadas se incluyen: *Giardia lamblia*, *Giardia intestinalis*, *Cryptosporidium parvum*, *Cryptosporidium hominis*, *Entamoeba histolytica*, *Blastocystis hominis*, *Dientamoeba fragilis*, *Cyclospora cayetanensis*, *Toxoplasma gondii*, *Ascaris lumbricoides*, *Trichuris trichiura*, *Enterobius vermicularis*, *Necator americanus*, *Strongyloides stercoralis*, *Taenia saginata*, *Schistosoma mansoni*, entre otras.

VIRUS

Virus	Abundancia (%)
uncultured phage cr23_1	0.0204
Faecalibacterium phage FP_Brigit	0.0061
Wujia chipingensis	0.0031
uncultured phage cr13_1	0.002
Klebsiella phage KP8	0.0015
Carjivirus communis	0.0008
uncultured phage cr36_1	0.0008
uncultured phage cr77_1	0.0006
uncultured phage cr4_1	0.0003

<i>Prymnesium kappa virus</i>	0.0003
<i>uncultured phage cr99_1</i>	0.0002
<i>Faecalibacterium phage FP_Epona</i>	0.0002
<i>Faecalibacterium phage FP_Taranis</i>	0.0002
<i>uncultured phage cr107_1</i>	0.0001
<i>Carjivirus</i>	0.0001
<i>Acinetobacter phage Acj61</i>	0.0001
<i>Agrotis segetum granulovirus</i>	0.0001
<i>Fadolivirus algeromassiliense</i>	0.0001
<i>uncultured phage cr2_1</i>	0.0001
<i>Treponema phagedenis</i>	0.0001
<i>Bacteroides phage crAss002</i>	0.0001
<i>uncultured phage cr149_1</i>	0.0001
<i>uncultured phage cr6_1</i>	0.0001
<i>Faecalibacterium phage FP_oengus</i>	0.0001
<i>uncultured phage cr44_1</i>	0.0001
<i>uncultured phage cr85_1</i>	0.0001
<i>uncultured phage cr128_1</i>	0.0001
<i>Anayavirus</i>	0.0001
<i>Ralstonia phage RSP15</i>	0.0001
<i>Skunavirus</i>	0.0001
<i>Teetrevirus</i>	0.0001

GENES DE RESISTENCIA

Gen	Familia antibiótico	Portadora principal	Reads
tet_Q	TETRACYCLINE	Bacteroidota	261
mef_En2	MACROLIDE	Unclassified (no Kraken2)	157
aadE	AMINOGLYCOSIDE	Unclassified (no Kraken2)	82
lnu_AN2	LINCOSAMIDE	Bacteroidota	74
tet_32	TETRACYCLINE	Bacillota	70
catA13	PHENICOL	Unclassified (no Kraken2)	57

4 CORRELACIÓN BACTERIA-METABOLITO

En esta sección se relacionan microorganismos clave detectados en la muestra con sus principales funciones metabólicas y los metabolitos asociados. Esto permite interpretar de forma integrada el posible impacto funcional de la microbiota intestinal.

Microorganismo clave		Función dominante	Metabolitos asociados	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i>		Bacterias gramnegativas; Productoras de propionato (SCFA)	LPS / Endotoxina, Propionato, Acetato, Succinato	Mejora control glucémico y apetito
<i>Bilophila wadsworthia</i>		Metabolizadora de ácidos biliares; Consumidora de butirato; Productora de sulfuro de hidrógeno	H ₂ S / Sulfuro de hidrógeno, Ácidos biliares secundarios	Exceso puede ser irritante de mucosa y asociarse a diarrea o riesgo inflamatorio contextual.
<i>[Ruminococcus] lactaris</i>		Productora de butirato	Triptamina	Menor señalización triptófano-dependiente; contexto dependiente.
<i>Desulfovibrio fieldensis</i>	<i>fair-</i>	Productoras de H ₂ S	H ₂ S / Sulfuro de hidrógeno, Fenoles	Daño epitelial, gases malolientes
<i>Faecalibacterium duncaniae</i>		Productoras de butirato (SCFA)	Butirato	Mejora barrera intestinal y reduce inflamación
<i>[Clostridium] biosum</i>	<i>sym-</i>	Productoras de butirato (SCFA); Productoras de p-cresol	Butirato, p-Cresol, Indoles, Fenoles	Mejora barrera intestinal y reduce inflamación
<i>Enterococcus faecium</i>		Productora de histamina; Patógenos; Proteolíticas	Tiramina, Dopamina / catecolaminas microbianas, D-lactato	Favorable.
<i>Coprococcus ART55/1</i>	<i>sp.</i>	Productora de butirato	Butirato	Menor soporte de barrera, menor tono antiinflamatorio y mayor vulnerabilidad de mucosa.

5 FUNCIONALIDAD

En este apartado se muestran únicamente las funciones microbiológicas con alteraciones detectadas en la muestra. Para cada función se indican los microorganismos fuera de rango asociados y su posible impacto funcional.

»» HOMEOSTASIS INTESTINAL

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Bacterias bucales	<i>Segatella copri</i> , <i>Porphyromonas gingivalis</i> , <i>Prevotella melaninogenica</i>	▲ Su presencia destacada sugiere translocación desde la boca; marca alteraciones de tránsito o salud oral.

»» ESTADO DE LA MUCOSA

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Consumidora del mucus	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Bacteroides caccae</i>	▲ Degradan la capa de mucus protector; su exceso adelgaza la barrera y favorece hiperpermeabilidad intestinal.

»» INFLAMACIÓN INTESTINAL

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Productora de lipopolisacáridos (LPS)	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i>	▲ Liberan endotoxina LPS; su exceso puede atravesar la barrera intestinal y desencadenar inflamación sistémica.
Proinflamatoria	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Alistipes putredinis</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	▲ Activan vías inflamatorias (TNF- α , IL-6); su sobrerepresentación se asocia a inflamación intestinal de bajo grado.

»» INFECCIÓN

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Patógenos	<i>Bacteroides fragilis</i> , <i>Sutterella wadsworthensis</i> , <i>Clostridioides difficile</i>	▲ Patógenos potenciales; en niveles relevantes pueden causar infección sintomática o ser cofactores de inflamación crónica.

»» AMINAS BIÓGENAS

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Productora de histamina	<i>Escherichia coli</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	▲ Liberan histamina; en personas con baja tolerancia puede inducir picor, cefalea o síntomas digestivos.
Productora de cadaverina	<i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i>	▲ Producen cadaverina, una amina biógena marcadora de putrefacción proteica intestinal.

Productora de
putrescina*Escherichia coli*

Generan putrescina; en exceso indica fermentación proteica desbordada y estrés sobre la mucosa.

» FERMENTACIÓN SACÁRIDA (SCFA)

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Productora de formato	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	 Producen formato como subproducto fermentativo; sustrato para metanógenos y acetógenos vía Wood-Ljungdahl.
Consumidora de butirato	<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i> , <i>Desulfovibrio piger</i>	 Reducen la disponibilidad de butirato; un exceso compromete la energía colónica y el mantenimiento de la barrera.

» PRODUCCIÓN DE GASES

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Productora de hidrógeno	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	 Liberan H ₂ durante la fermentación; es normal en cantidades moderadas, pero el exceso causa hinchazón y flatulencia.
Productora de sulfuro de hidrógeno	<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	 Producen H ₂ S, gas genotóxico que daña el ADN colonocitario y favorece inflamación cuando está elevado.

» METABOLISMO SACAROLÍTICO

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Productoras de succinato	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Akkermansia muciniphila</i> , <i>Alistipes shahii</i>	 Generan succinato, intermediario metabólico; un exceso puede irritar la mucosa si no es consumido a tiempo.
Consumidoras de succinato	<i>Phascolarctobacterium faecium</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Barnesiella viscericola</i>	 Reciclan succinato a propionato, evitando acumulaciones que podrían favorecer disconfort intestinal.

» DIGESTIÓN DE GRASAS

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Metabolizadora de ácidos biliares	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i>	 Modifican ácidos biliares; un desequilibrio puede afectar absorción de grasas y producir ácidos biliares secundarios proinflamatorios.

» PROTEÓLISIS / PUTREFACCIÓN

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
-----------------	---------------------	-------------------

Proteolíticas	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Alistipes putredinis</i> , <i>Alistipes shahii</i>	▲ Fermentan proteínas no digeridas generando metabolitos tóxicos (amoníaco, fenoles); un exceso irrita la mucosa.
Productora de amonio	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides stercoris</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	▲ Liberan amoníaco que irrita la mucosa y sobrecarga el hígado en su detoxificación; su exceso es proinflamatorio.
Productores de BCFA	<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides stercoris</i>	▲ Generan ácidos grasos de cadena ramificada, marcadores de putrefacción intestinal y fermentación proteica excesiva.

» METABOLISMO ESTRÓGENOS

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Productora de S-EQUOL	<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Adlercreutzia equolifaciens</i> , <i>Ruminococcus sp. SR1/5</i>	▲ Convierten isoflavonas (soja) en S-equol, fitoestrógeno con efecto protector cardiovascular y óseo.
Consumidora de S-EQUOL	<i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	▲ Degradan S-equol; un exceso reduce la disponibilidad de este metabolito beneficioso.

» VITAMINAS

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Productora de vitamina K2	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014), <i>Escherichia coli</i>	▲ Sintetizan menaquinonas (K2), implicadas en coagulación, salud ósea y deposición correcta de calcio.

» NEUROTRANSMISORES

Grupo funcional	Bacterias alteradas	Impacto funcional
Productora de GABA	<i>Phocaeicola vulgatus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides uniformis</i>	▲ Sintetizan GABA, neurotransmisor inhibitor que modula el eje intestino-cerebro y favorece la regulación del estrés.

6 CONCLUSIÓN

Los resultados deben interpretarse en el contexto clínico y particular de cada persona. Se recomienda que un profesional de la salud realice dicha interpretación.

- Dieta baja histamina temporal, comida fresca, revisar estreñimiento, mastocitos, alergias e inflamación
- Reducir sustrato que alimenta la vía alterada; pauta progresiva; controlar tránsito; revisar tolerancia a fibra; tratar estreñimiento si metano; revisar carga proteica; manejo estrés; sueño; ejercicio; repetir estudio/seguimiento si clínica intensa
- Precaución en antecedentes hormonodependientes; individualizar
- Valorar diarrea grasa, estreñimiento, vesícula, hígado, tolerancia a grasas
- Usar reglas contextuales: síntomas, tránsito, histamina, gases, SNC, hígado, hormonal; introducir cambios por fases
- Reducir carga sulfurada temporal, no eliminar verduras a largo plazo; revisar olor fuerte a heces/gases
- Revisar salud oral, encías, higiene dental, respiración oral, reflujo, hipoclorhidria y deglución; valorar odontología si persiste
- Mejorar barrera y tránsito; evitar picos postprandiales; caminar tras comidas; revisar resistencia insulina
- Dieta antiinflamatoria 4-8 semanas; revisar permeabilidad, patógenos, estrés, sueño y carga glucémica
- No subir fibras agresivas de golpe; priorizar mucosa y tránsito; vigilar dolor/diarrea
- En TEA/SNC sensible, introducir de forma muy gradual; vigilar hiperreactividad
- Ajustar gramos de proteína, mejorar tránsito, aumentar fibra soluble gradual, evitar estreñimiento
- Vigilar estreñimiento, función hepática, fatiga/neurocognición; no hiperproteica
- Reducir proteína total si excesiva; repartir ingestas; mejorar tránsito
- Introducción progresiva de fibra; rotación vegetal semanal; priorizar alimentos cocinados si intestino sensible; revisar estreñimiento/diarrea; ejercicio regular; sueño; reducir ultraprocesados; reevaluar tolerancia cada 2-4 semanas
- Valorar déficit paralelo de productores de butirato; ajustar fibra sin provocar gas

ANEXO I: MICROORGANISMOS DETECTADOS

Microorganismo	Dominio	Ref. mín. (%)	Ref. máx. (%)	Abundancia (%)
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	Bacteria	0.0	15.43	20.95
<i>Bacteroides salyersiae</i>	Bacteria	0.0	0.31	6.05
<i>Alistipes putredinis</i>	Bacteria	0.0	8.34	5.06
<i>Bacteroides ovatus</i>	Bacteria	0.0	2.01	4.1
<i>Bacteroides stercoris</i>	Bacteria	0.0	4.87	4.09
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	Bacteria	0.0	1.13	3.46
<i>Akkermansia muciniphila</i>	Bacteria	0.0	4.19	3.07
<i>Bacteroides uniformis</i>	Bacteria	0.01	14.35	3.04
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	Bacteria	0.0	0.61	2.83
<i>Alistipes shahii</i>	Bacteria	0.0	0.64	2.73
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	Bacteria	0.96	12.1	2.57
<i>Bilophila wadsworthia</i>	Bacteria	0.0	0.14	2.07
<i>Bacteroides caccae</i>	Bacteria	0.0	2.29	1.94
<i>Segatella copri</i>	Bacteria	0.0	35.0	1.91
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	Bacteria	0.0	1.01	1.76
<i>[Ruminococcus] lactaris</i>	Bacteria	0.0	1.24	1.73
<i>Parabacteroides distasonis</i>	Bacteria	0.0	2.9	1.69
<i>Phocaeicola dorei</i>	Bacteria	0.0	7.98	1.67
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	Bacteria	0.0	1.93	1.65
<i>Alistipes finegoldii</i>	Bacteria	0.0	1.73	1.53
<i>Parabacteroides merdae</i>	Bacteria	0.0	2.22	1.22
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	Bacteria	0.0	0.47	1.16
<i>Simiaoa sunii</i>	Bacteria	—	—	1.02
uncultured <i>Alistipes</i> sp.	Bacteria	—	—	0.99
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	Bacteria	0.1	8.0	0.95
<i>Alistipes communis</i>	Bacteria	0.5	12.0	0.9
<i>Escherichia coli</i>	Bacteria	0.0	1.74	0.83
<i>Alistipes onderdonkii</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.75
<i>[Ruminococcus] torques</i>	Bacteria	0.0	2.63	0.71
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	Bacteria	0.05	3.5	0.69
<i>Butyricimonas virosa</i>	Bacteria	0.0	0.21	0.69
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	Bacteria	0.0	0.04	0.62
<i>Blautia obeum</i>	Bacteria	0.0	1.68	0.62
<i>Bacteroides fragilis</i>	Bacteria	0.0	1.15	0.55
<i>Alistipes dispar</i>	Bacteria	0.5	12.0	0.52
<i>Vescimonas coprocola</i>	Bacteria	—	—	0.44
<i>Alistipes indistinctus</i>	Bacteria	0.0	0.2	0.43
<i>Dorea longicatena</i>	Bacteria	0.0	3.15	0.42
<i>Dysosmobacter welbionis</i>	Bacteria	—	—	0.37
<i>Blautia wexlerae</i>	Bacteria	0.0	1.18	0.37
<i>Lachnospira eligens</i>	Bacteria	0.0	3.81	0.33

<i>Collinsella aerofaciens</i>	Bacteria	0.0	6.24	0.33
<i>Parabacteroides goldsteinii</i>	Bacteria	0.0	0.09	0.29
<i>Eubacterium ramulus</i>	Bacteria	0.0	0.36	0.28
<i>Barnesiella intestinhominis</i>	Bacteria	0.0	2.65	0.26
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	Bacteria	—	—	0.25
<i>Eubacterium ventriosum</i>	Bacteria	0.0	0.41	0.25
<i>Alloprococcus comes</i>	Bacteria	—	—	0.25
<i>Vescimonas fastidiosa</i>	Bacteria	—	—	0.24
<i>Flavonifractor plautii</i>	Bacteria	0.0	0.5	0.2
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.2
<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.19
<i>Alistipes senegalensis</i>	Bacteria	0.5	12.0	0.19
<i>Faecalibacterium sp. 14-1-79</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.18
<i>Bacteroides nordii</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.18
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	Bacteria	0.0	0.07	0.18
<i>Faecalibacillus intestinalis</i>	Bacteria	—	—	0.18
<i>Butyricimonas faecihominis</i>	Bacteria	—	—	0.18
<i>Bacteroides zhangwenhongii</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.18
<i>Bacteroides sp. M10</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.17
<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	Bacteria	0.0	0.44	0.17
<i>Mediterraneibacter faecis</i>	Bacteria	0.05	3.5	0.17
<i>Alistipes sp. dk3624</i>	Bacteria	0.5	12.0	0.16
<i>Clostridioides difficile</i>	Bacteria	0.0	0.5	0.16
<i>Dorea formicigenerans</i>	Bacteria	0.0	1.01	0.15
<i>Hominenteromicrobium mulieris</i>	Bacteria	—	—	0.13
<i>[Clostridium] symbiosum</i>	Bacteria	0.0	0.02	0.12
<i>Faecalibacterium sp. PGM34</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.12
<i>Pusillibacter faecalis</i>	Bacteria	—	—	0.12
<i>Faecalibacterium sp. 13-3-33</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.12
<i>Lawsonibacter asaccharolyticus</i>	Bacteria	0.0	0.15	0.12
<i>Bacteroides finegoldii</i>	Bacteria	0.0	0.35	0.12
<i>Bacteroides difficilis</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.12
<i>Barnesiella sp. An22</i>	Bacteria	—	—	0.11
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	Bacteria	0.0	0.46	0.1
<i>Phocaeicola salanitronis</i>	Bacteria	1.0	25.0	0.1
<i>Agathobacter rectalis</i>	Bacteria	0.5	10.0	0.1
<i>Thomasclavelia spiroformis</i>	Bacteria	—	—	0.1
<i>Roseburia intestinalis</i>	Bacteria	0.0	2.02	0.09
<i>Alistipes ihumii</i>	Bacteria	0.5	12.0	0.09
<i>Bacteroides eggerthii</i>	Bacteria	0.0	1.36	0.09
<i>Bacteroides sp. D2</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.09
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	Bacteria	0.0	2.63	0.09
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	Bacteria	0.0	1.21	0.09
<i>Alistipes sp. i18-0019-D1</i>	Bacteria	0.5	12.0	0.09
<i>Anaerotruncus colihominis</i>	Bacteria	0.0	0.02	0.08

<i>Methanobrevibacter smithii</i>	Archaea	—	—	0.08
<i>[Clostridium] innocuum</i>	Bacteria	0.0	0.03	0.08
<i>Owariiibacterium komagatae</i>	Bacteria	—	—	0.07
<i>Bacteroides hominis</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.07
<i>Enterococcus faecium</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.07
<i>Butyricimonas paravirosa</i>	Bacteria	—	—	0.07
<i>Paraprevotella clara</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.07
<i>Eggerthella lenta</i>	Bacteria	0.0	0.17	0.07
<i>Faecalibacterium sp. IP-3-29</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.07
<i>Pseudoprevotella muciniphila</i>	Bacteria	—	—	0.07
<i>Roseburia hominis</i>	Bacteria	0.0	0.99	0.07
<i>Bacteroides celer</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.07
<i>Faecalibacterium sp. IP-1-18</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.07
<i>Blautia massiliensis (ex Durand et al. 2017)</i>	Bacteria	1.0	12.0	0.07
<i>Faecalibacterium sp. I2-3-92</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.07
<i>Bacteroides sp. CACC 737</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.06
<i>Coprobacter secundus</i>	Bacteria	0.0	0.04	0.06
<i>Bacteroides faecis</i>	Bacteria	0.0	0.39	0.06
<i>Faecalibacterium sp. I3-3-89</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.06
<i>Jutongia sp. SJQ-6</i>	Bacteria	—	—	0.06
<i>Bacteroides sp. A1C1</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.06
<i>Dysosmobacter sp. Phy</i>	Bacteria	—	—	0.06
<i>Parabacteroides sp. CT06</i>	Bacteria	0.5	8.0	0.06
<i>Bacteroides luhongzhouii</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.06
<i>Ruminococcus sp. SR1/5</i>	Bacteria	0.1	8.0	0.05
<i>Dorea amylophila</i>	Bacteria	0.1	4.0	0.05
<i>Faecalibacterium sp. i21-0019-B1</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.05
<i>Bacteroides sp. DH3716P</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.05
<i>Blautia sp. SC05B48</i>	Bacteria	1.0	12.0	0.05
<i>Bacteroides parvus</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.05
<i>Roseburia faecis</i>	Bacteria	0.0	6.48	0.04
<i>Bacteroides faecium</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.04
<i>Faecalibacterium hominis (ex Afrizal et al. 2022)</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.04
<i>[Clostridium] scindens</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.04
<i>Enterocloster lavalensis</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.04
<i>Faecalibacterium sp. I4-3-84</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.04
<i>Blautia luti</i>	Bacteria	1.0	12.0	0.04
<i>Oxalobacter aliiformigenes</i>	Bacteria	—	—	0.04
<i>Clostridium sp. M62/1</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.04
<i>Bacteroides caecimuris</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.04
<i>Coprobacter fastidiosus</i>	Bacteria	0.0	0.22	0.04
<i>Oscillibacter hominis</i>	Bacteria	—	—	0.04
<i>Bacteroides intestinalis</i>	Bacteria	0.0	0.34	0.04

<i>Aurodevirus hiberniae</i>	Viruses	—	—	0.04
<i>Pseudoflavonifractor gallinarum</i>	Bacteria	—	—	0.04
<i>Barnesiella viscericola</i>	Bacteria	—	—	0.04
<i>Bacteroides</i> sp. HF-162	Bacteria	8.0	45.0	0.04
<i>Enterocloster bolteae</i>	Bacteria	0.0	0.04	0.03
<i>Subdoligranulum variabile</i>	Bacteria	0.05	3.0	0.03
<i>Emergencia timonensis</i>	Bacteria	—	—	0.03
<i>Muribaculum intestinale</i>	Bacteria	—	—	0.03
<i>Faecalibacterium taiwanense</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.03
<i>Butyricimonas faecalis</i>	Bacteria	—	—	0.03
<i>Eisenbergiella porci</i>	Bacteria	—	—	0.03
<i>Faecalibacterium</i> sp. 7	Bacteria	1.0	18.0	0.03
<i>Enterocloster clostridioformis</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.03
<i>Sellimonas catena</i>	Bacteria	—	—	0.03
<i>Adlercreutzia hattorii</i>	Bacteria	0.0	1.5	0.02
<i>Holdemania massiliensis</i>	Bacteria	—	—	0.02
<i>Gordonibacter urolithinifaciens</i>	Bacteria	—	—	0.02
<i>Faecalibacterium</i> sp. i25-0019-C1	Bacteria	1.0	18.0	0.02
<i>Collinsella</i> sp. i05-0019-G5	Bacteria	0.0	5.0	0.02
<i>Anaerostipes hadrus</i>	Bacteria	0.0	3.91	0.02
<i>Blautia producta</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.02
<i>Faecalibacterium wellingii</i>	Bacteria	1.0	18.0	0.02
<i>Hungatella hathewayi</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.02
uncultured <i>Subdoligranulum</i> sp.	Bacteria	—	—	0.02
<i>Parabacteroides absconsus</i>	Bacteria	0.5	8.0	0.02
<i>Ruminococcus callidus</i>	Bacteria	0.0	0.03	0.02
<i>Flintibacter</i> sp. KGMB00164	Bacteria	—	—	0.02
<i>Bacteroides mucinivorans</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.02
<i>Parabacteroides</i> sp. ASD2025	Bacteria	0.5	8.0	0.02
<i>Oscillibacter</i> sp. PEA192	Bacteria	—	—	0.02
<i>Eshraghiella crossota</i>	Bacteria	—	—	0.02
<i>Christensenella massiliensis</i>	Bacteria	—	—	0.02
<i>Bacteroides pyogenes</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.02
<i>Hungatella</i> sp. SB206	Bacteria	—	—	0.02
<i>Enterocloster asparagiformis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.02
<i>Muribaculum gordoncarteri</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Blautia hansenii</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.01
<i>Phocaeicola coprophilus</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.01
<i>Paramuribaculum intestinale</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.01
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	Bacteria	0.1	8.0	0.01
<i>Segatella hominis</i>	Bacteria	0.0	35.0	0.01
<i>Desulfovibrio piger</i>	Bacteria	0.0	0.33	0.01
<i>Hoskinsella hominis</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Brigitvirus brigitt</i>	Viruses	—	—	0.01

<i>Wansuia hejianensis</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Solibaculum mannosilyticum</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Coprococcus</i> sp. ART55/1	Bacteria	0.1	5.0	0.01
<i>Roseburia rectibacter</i>	Bacteria	0.5	10.0	0.01
<i>Marvinbryantia formatexigens</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Bacteroides helcogenes</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.01
<i>Blautia argi</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.01
<i>Sellimonas intestinalis</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.01
<i>Acutalibacter muris</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Catenibacterium</i> sp. co_0103	Bacteria	—	—	0.01
<i>Eubacterium callanderi</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.01
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	Bacteria	0.05	3.0	0.01
<i>Bacteroides zoogloformans</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.01
<i>Clostridium cadaveris</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.01
<i>Eubacterium maltosivorans</i>	Bacteria	0.1	5.0	0.01
<i>Sodaliophilus pleomorphus</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Parabacteroides chongii</i>	Bacteria	0.5	8.0	0.01
<i>Duncaniella dubosii</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Butyricicoccus porcorum</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Clostridium</i> sp. BJN0013	Bacteria	0.0	1.0	0.01
<i>Qiania dongpingensis</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Roseburia</i> sp. 831b	Bacteria	0.5	10.0	0.01
<i>Parabacteroides faecis</i>	Bacteria	0.5	8.0	0.01
<i>Clostridium perfringens</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.01
<i>Agathobaculum massiliense</i>	Bacteria	—	—	0.01
[<i>Clostridium</i>] <i>hylemonae</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.01
<i>Coprococcus eutactus</i>	Bacteria	0.0	3.04	0.01
<i>Bacteroides maternus</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.01
<i>Kineothrix sedimenti</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Romboutsia ilealis</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.01
<i>Schaalia odontolytica</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.01
<i>Thomasclavelia ramosa</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Actinomyces</i> sp. oral taxon 414	Bacteria	—	—	0.01
<i>Sporosarcina</i> sp. P37	Bacteria	—	—	0.01
<i>Claveliimonas bilis</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Gordonibacter pamelaee</i>	Bacteria	0.0	0.16	0.01
<i>Amedibacterium intestinale</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Acidaminobacterium chupaoyuni</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Lactonifactor longoviformis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.01
<i>Spiroplasma endosymbiont of Crioceris asparagi</i>	Bacteria	—	—	0.01
<i>Christensenella minuta</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.01
<i>Faecalibaculum rodentium</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Caproiciproducens</i> sp. LBM24188	Bacteria	—	—	0.0
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.0

<i>Clostridium sp. OSI-26</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Eubacterium sp. MSJ-33</i>	Bacteria	0.1	5.0	0.0
<i>Mesoplasma florum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Massilimicrobiota timonensis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Clostridium sp. MB40-C1</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Christensenella sp. MSJ-20</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Pediococcus clausenii</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptococcus sanguinis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Bacteroides sedimenti</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.0
<i>Sporanaerobacter sp.</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Neoehrlichia mikurensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Mitsuokella multacida</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Companilactobacillus sp. DQM5</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Chordicoccus furentiruminis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Faecalimonas umbilicata</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Blautia pseudococcoides</i>	Bacteria	1.0	12.0	0.0
<i>Brevibacterium luteolum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Floricoccus penangensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Agathobaculum sp. NTUH-O15-33</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Sporosarcina sp. FSL K6-1522</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Roseburia sp. 499</i>	Bacteria	0.5	10.0	0.0
<i>Kingevirus communis</i>	Viruses	—	—	0.0
<i>Spiroplasma endosymbiont of Virgichneumon dumeticola</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Gemella sp. zg-570</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptococcus pyogenes</i>	Bacteria	0.05	3.0	0.0
<i>Vagococcus jeotgali</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Parabacteroides sp. APC149_11_2_Y6</i>	Bacteria	0.5	8.0	0.0
<i>Clostridium sp. SY8519</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Rummeliibacillus stabekisii</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Paraglaciicola psychrophila</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Shewanella benthica</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Romboutsia hominis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Geosporobacter ferrireducens</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Caproiciproducens puteiluti</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Intestinibacter bartlettii</i>	Bacteria	0.0	0.26	0.0
<i>Mediterraneibacter glycyrrhizinilyticus</i>	Bacteria	0.05	3.5	0.0
<i>Streptococcus canis</i>	Bacteria	0.05	3.0	0.0
<i>Desulfosporosinus youngiae</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Bifidobacterium longum</i>	Bacteria	0.0	4.32	0.0
<i>Erysipelatoclostridium sp. An173</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Flavobacterium sp. N3904</i>	Bacteria	—	—	0.0
uncultured <i>Bacteroides sp.</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Paenibacillus sp. FSL R10-2734</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptobacillus moniliformis</i>	Bacteria	—	—	0.0

<i>Clostridium sp. HCS.1</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Eubacterium limosum</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Sellimonas caecigallum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Hominifimeneus sp. rT4P-3</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Bacillus sp. AK128</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Tannerella serpentiformis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Wujia chipingensis</i>	Viruses	—	—	0.0
<i>Bengtsoniella intestinalis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Ruminococcus albus</i>	Bacteria	0.1	8.0	0.0
<i>Blautia parvula</i>	Bacteria	1.0	12.0	0.0
<i>Streptococcus urinalis</i>	Bacteria	0.05	3.0	0.0
<i>Prevotella communis</i>	Bacteria	0.0	35.0	0.0
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Ruminococcus bovis</i>	Bacteria	0.1	8.0	0.0
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Prevotella melaninogenica</i>	Bacteria	0.0	35.0	0.0
<i>Candidatus Pelagibacter sp. RS40</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Clostridium sp. 10cd*</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Lactobacillus jensenii</i>	Bacteria	0.0	2.0	0.0
<i>Haemophilus pittmaniae</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Prevotella intermedia</i>	Bacteria	0.0	35.0	0.0
<i>Kaypovavirus KP8</i>	Viruses	—	—	0.0
<i>Collinsella stercoris</i>	Bacteria	0.0	5.0	0.0
<i>Seonamhaecicola sp. ML3</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptococcus suis</i>	Bacteria	0.05	3.0	0.0
<i>Ehrlichia chaffeensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Lacrimispora sp. BS-2</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Ruminococcus gnavus</i>	Bacteria	0.1	8.0	0.0
<i>Porphyromonas levii</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Vibrio sp. DW001</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Pontibacter akesuensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Vibrio artabrorum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptococcus pasteurianus</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Streptococcus australis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Fingoldia magna</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Parolsenella catena</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Salinimonas lutimaris</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Campylobacter sp. RM16192</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Clostridium sp. C1</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Clostridium pasteurianum</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Trichlorobacter lovleyi</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Trueperella pyogenes</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	Bacteria	—	—	0.0

<i>Rhodococcus erythropolis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Olsenella sp. oral taxon 807</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Hujiaoplasma nucleasis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Hafnia paralvei</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Chromobacterium sp. IIBBL 290-4</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Neokomagataea tanensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Paenibacillus konkukensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	Bacteria	0.0	0.08	0.0
<i>Caproicibacterium amylolyticum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Oceanidesulfovibrio marinus</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Spiroplasma mirum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Rothia mucilaginosa</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.0
<i>Lacrimispora sp. HJ-01</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Gemella sanguinis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Proteiniphilum saccharofermentans</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptococcus mitis</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.0
<i>Parvimonas micra</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Polaribacter gangjinensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Intestinibacillus sp. NTUH-41-i26</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Bacteria	0.0	0.06	0.0
<i>Novisyntrophococcus fermenticellae</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Salinibacter ruber</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Mycoplasma phocoenae</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Lacrimispora saccharolytica</i>	Bacteria	0.0	0.01	0.0
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	Bacteria	0.0	8.38	0.0
<i>Bacteroides sp. ZJ-18</i>	Bacteria	8.0	45.0	0.0
<i>Anaerostipes caccae</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Longicatena caecimuris</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptococcus thermophilus</i>	Bacteria	0.0	0.49	0.0
<i>Bacillus gobiensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Enterococcus faecalis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Thermodesulfobacterium sp. TA1</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Caproicibacterium sp. BJN0003</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Aristaeella lactis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Pediococcus argentinicus</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Xylanibacter ruminicola</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Clostridium sp. MB05</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Anaerostipes sp. PC18</i>	Bacteria	0.05	3.0	0.0
<i>Pseudomonas putida</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Eggerthella guodeyinii</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	Bacteria	0.0	0.61	0.0
<i>Slackia exigua</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Schaalia sp. HMT-172</i>	Bacteria	—	—	0.0

<i>Guyparkeria halophila</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Leptodesmis sichuanensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Leucobacter triazinivorans</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Neorhizobium sp. CSC1952</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Hymenobacter weizhouensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Mixta gaviniae</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Porphyromonas sp. oral taxon 275</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Prevotella sp. E13-17</i>	Bacteria	0.0	35.0	0.0
<i>Prevotella heparinolytica</i>	Bacteria	0.0	35.0	0.0
<i>Prevotella sp. Rep29</i>	Bacteria	0.0	35.0	0.0
<i>Achromobacter deleyi</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Arabiibacter massiliensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Francisella adeliensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Paenibacillus sp. FSL H8-0537</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Bosea sp. PAMC 26642</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Emergencia sp. JLR.KK010</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Methylobacterium roseum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Calditerrivibrio nitroreducens</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Mycoplasmopsis gallinarum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Bifidobacterium sp. ESL0769</i>	Bacteria	0.5	12.0	0.0
<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Shewanella basaltis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Segatella oris</i>	Bacteria	0.0	35.0	0.0
<i>Amycolatopsis bartoniae</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Fusobacterium hominis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Phascolarctobacterium succinatutens</i>	Bacteria	0.0	1.75	0.0
<i>Carjivirus communis</i>	Viruses	0.0	8.0	0.0
<i>Lachnoclostridium phytofermentans</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Mycoplasma sp. 1018B</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Maricaulis sp. MIT060901</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Microtetraspora malaysiensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Methanobrevibacter sp. TLL-48-HuF1</i>	Archaea	—	—	0.0
<i>Akkermansia sp. EB-AMDK43</i>	Bacteria	0.05	4.0	0.0
<i>Breznakiella homolactica</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Jahgtovirus gastrointestinalis</i>	Viruses	—	—	0.0
<i>Haliangium ochraceum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Frigoribacterium sp. NBH87</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Fusarium oxysporum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Aristaeella hokkaidonensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Eggerthella sp. YY7918</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Deinococcus soli (ex Cha et al. 2016)</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Ruminiclostridium herbifermentans</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Raoultibacter timonensis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Pseudomonas sp. LB3P93</i>	Bacteria	—	—	0.0

<i>Proteiniclasticum</i> sp. QWL-01	Bacteria	—	—	0.0
<i>Campylobacter</i> <i>vicugnae</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Corynebacterium</i> <i>durum</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Lachnoanaerobaculum</i> <i>gingivalis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Paludibacter</i> <i>propionigenes</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Cereibacter</i> <i>azotoformans</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Lacrimispora</i> <i>xylanolytica</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Labilithrix</i> <i>luteola</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Nocardioides</i> sp. HDW12B	Bacteria	—	—	0.0
<i>Verrucomicrobium</i> sp. GAS474	Bacteria	—	—	0.0
<i>Ornithobacterium</i> <i>rhinotracheale</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Murdochella</i> <i>vaginalis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Clostridium</i> <i>cellulovorans</i>	Bacteria	0.0	1.0	0.0
<i>Anaerofustis</i> <i>stercorihominis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Arachidicoccus</i> <i>terrestris</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Sporomusa</i> <i>rhizae</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptococcus</i> <i>oralis</i>	Bacteria	0.0	0.0	0.0
<i>Acidovorax</i> sp.	Bacteria	—	—	0.0
<i>Caproicibacterium</i> <i>lactatifermentans</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Cellulophaga</i> <i>lytica</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Pseudomonas</i> sp. R1-1	Bacteria	—	—	0.0
<i>Prevotella</i> sp. oral taxon 475	Bacteria	0.0	35.0	0.0
<i>Phenylobacterium</i> <i>zucineum</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Porphyromonas</i> <i>somerae</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Monoglobus</i> <i>pectinilyticus</i>	Bacteria	0.0	0.15	0.0
<i>Paraburkholderia</i> <i>atlantica</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Luteibacter</i> <i>flocculans</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Methanobrevibacter</i> <i>intestini</i>	Archaea	—	—	0.0
<i>Paenibacillus</i> sp. P36	Bacteria	—	—	0.0
<i>Xiamenia</i> <i>xianingshaonis</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Streptococcus</i> <i>salivarius</i>	Bacteria	0.0	0.58	0.0
<i>Streptomyces</i> <i>canus</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Selenomonas</i> sp. oral taxon 478	Bacteria	—	—	0.0
<i>Sphingomonas</i> <i>aerolata</i>	Bacteria	—	—	0.0
<i>Allobaculum</i> sp. Allo2	Bacteria	—	—	0.0

ANEXO II: RECOMENDACIONES DE ALIMENTOS

INFLAMACIÓN / LPS

Los alimentos de esta sección favorecen la producción de AGCC, ayudan a modular la inflamación intestinal y contribuyen al equilibrio microbiano.

Alimento	Componente
Aceite de canola	Polifenoles del aceite de oliva
Aceite de hígado de bacalao	Polifenoles del aceite de oliva
Aceite de linaza	Fibra y polifenoles
Aceite de oliva virgen extra	Polifenoles del aceite de oliva
Aceite de pescado	Omega-3 (EPA/DHA)
Aceite de salmón	Omega-3 (EPA/DHA)
Aceitunas negras	Fibra fermentable
Acelgas	Fibra fermentable
Achicoria	Fibra fermentable
Aguacate	Fibra fermentable
Albaricoque	Fibra fermentable
Alcaparra	Fibra fermentable
Almejas	Fibra fermentable
Almendras	Fibra y polifenoles
Alubias	Galactooligosacáridos (GOS)
Alubias rojas	Galactooligosacáridos (GOS)
Anacardos	Fibra fermentable
Anchoas	Fibra fermentable
Anguila	Fibra fermentable
Arándanos	Fibra fermentable
Arenque	Fibra fermentable
Artemisa	Fibra fermentable
Atún	Omega-3 (EPA/DHA)
Avellanas	Fibra y polifenoles
Azafrán	Fibra fermentable
Bacalao	Fibra fermentable
Bardana	Fibra fermentable
Bayas de saúco	Fibra fermentable
Berenjena	Fibra fermentable
Boquerones	Fibra fermentable
Brócoli	Fibra fermentable
Caballa	Omega-3 (EPA/DHA)
Cacahuetes	Fibra fermentable
Cacao	Fibra fermentable
Café	Fibra fermentable
Carne de cerdo	Fibra fermentable
Carne de ternera	Fibra fermentable
Carne de ternera alimentado con pasto	Fibra fermentable

Alimento	Componente
Hojas de diente de león	Fibra fermentable
Huevos	Fibra fermentable
Jícama	Fibra fermentable
Judías	Galactooligosacáridos (GOS)
Kale	Fibra fermentable
Kamut	Fibra fermentable
Kiwi	Fibra fermentable
Leche	Fibra fermentable
Leche de soja	Fibra fermentable
Leche entera	Fibra fermentable
Lechuga	Fibra fermentable
Lentejas	Galactooligosacáridos (GOS)
Lima	Fibra fermentable
Limón	Pectinas
Lubina	Fibra fermentable
Maíz	Fibra fermentable
Mandarina	Fibra fermentable
Mango	Fibra fermentable
Mantequilla	Fibra fermentable
Maracuyá	Fibra fermentable
Melón	Fibra fermentable
Membrillos	Fibra fermentable
Miel	Fibra fermentable
Mijo	Fibra fermentable
Miso	Fibra fermentable
Moras	Fibra fermentable
Naranja	Pectinas
Nectarinas	Fibra fermentable
Nueces	Fibra fermentable
Pan de centeno	Fibra fermentable
Pan integral	Fibra fermentable
Papaya	Fibra fermentable
Pavo	Fibra fermentable
Pechuga de pollo	Fibra fermentable
Perejil	Fibra fermentable
Pimienta	Fibra fermentable
Pimienta rojo	Fibra fermentable
Pimienta verde	Fibra fermentable
Piña	Fibra fermentable
Pipas de girasol	Fibra fermentable
Plátano	Almidón resistente

Alimento	Componente
Carne de vacuno	Fibra fermentable
Cebada	Fibra fermentable
Centeno	Fibra fermentable
Cerezas	Fibra fermentable
Chía	Fibra fermentable
Chocolate negro	Fibra fermentable
Ciruelas	Fibra fermentable
Coco	Fibra fermentable
Col	Fibra fermentable
Col China	Fibra fermentable
Col de Bruselas	Fibra fermentable
Col lombarda	Fibra fermentable
Col rizada	Fibra fermentable
Coles de brussels	Fibra fermentable
Coliflor	Fibra fermentable
Cordero	Fibra fermentable
Correhuela	Fibra fermentable
Curri	Fibra fermentable
Edamame	Fibra fermentable
Espárragos	Fructooligosacáridos (FOS) e Inulina
Espinacas	Fibra fermentable
Extracto de grosellero	Fibra fermentable
Frambuesas	Fibra fermentable
Fresas	Fibra fermentable
Frijoles	Fibra fermentable
Frutos del bosque	Fibra fermentable
Gambas	Fibra fermentable
Garbanzos	Galactooligosacáridos (GOS)
Grellos	Fibra fermentable
Grosellas negras	Fibra fermentable
Guayaba	Fibra fermentable
Guisantes	Fibra fermentable
Habas	Fibra fermentable
Harina de trigo integral	Fibra fermentable
Hígado	Fibra fermentable
Hígado de pollo	Fibra fermentable
Hígado de ternera	Fibra fermentable
Hígado de vacuno	Fibra fermentable
Higos	Fibra fermentable
Hinojo	Fibra fermentable
Hojas de alholva	Fibra fermentable
Hojas de artemisa	Fibra fermentable

Alimento	Componente
Plátano macho	Almidón resistente
Plátano verde	Almidón resistente
Pollo	Fibra fermentable
Pomelos	Fibra fermentable
Portulaca	Fibra fermentable
Queso	Fibra fermentable
Queso cheddar	Fibra fermentable
Quesos blandos	Fibra fermentable
Quesos duros	Fibra fermentable
Quinoa	Fibra fermentable
Rábano	Fibra fermentable
Raíz de Achicoria	Fibra fermentable
Raíz de Diente de León	Fibra fermentable
Remolacha	Fibra fermentable
Repollo	Fibra fermentable
Salmón	Omega-3 (EPA/DHA)
Salvado de trigo	Fibra fermentable
Sardinas	Omega-3 (EPA/DHA)
Semillas de alholva	Fibra y polifenoles
Semillas de girasol	Fibra y polifenoles
Semillas de lino	Fibra y polifenoles
Semillas de onagra	Fibra y polifenoles
Semillas de sésamo	Fibra y polifenoles
Sésamo	Fibra fermentable
Soja	Fibra fermentable
Té negro	Fibra fermentable
Té verde	Fibra fermentable
Tempeh	Fibra fermentable
Ternera	Fibra fermentable
Tocino	Fibra fermentable
Tofu	Fibra fermentable
Tomate	Fibra fermentable
Trigo de grano entero	Fibra fermentable
Trigo integral	Fibra fermentable
Trigo sarraceno	Fibra fermentable
Trucha	Fibra fermentable
Uvas	Fibra fermentable
Uvas moradas	Fibra fermentable
Uvas rojas	Fibra fermentable
Yema de huevos	Fibra fermentable
Yuca	Fibra fermentable
Yuca cocida y enfriada	Fibra fermentable

BARRERA INTESTINAL

Los alimentos de esta sección favorecen la producción de butirato, mejoran la función de la barrera intestinal y contribuyen al mantenimiento de las uniones intercelulares (tight junctions).

Alimento	Componente
Ajo	Fructooligosacáridos (FOS) e Inulina
Ajos tiernos	Fructooligosacáridos (FOS) e Inulina
Alcachofa	Fructooligosacáridos (FOS) e Inulina
Arroz	Almidón resistente
Arroz cocido y enfriado	Almidón resistente
Arroz integral	Almidón resistente
Avena	Almidón resistente
Boniato	Almidón resistente
Boniato cocido y enfriado	Almidón resistente
Calabaza	Pectinas
Cebolla	Fructooligosacáridos (FOS) e Inulina
Cebolla roja	Fructooligosacáridos (FOS) e Inulina
Kéfir	Fermentación láctica (lactato y acetato)
Manzanas	Pectinas
Manzanas (con piel)	Pectinas
Patata al horno con piel	Almidón resistente
Patata cocida y enfriada	Almidón resistente
Pera	Pectinas
Puerro	Fructooligosacáridos (FOS) e Inulina
Salvado de arroz	Almidón resistente
Semillas de calabaza	Pectinas
Soja fermentada	Fermentación láctica (lactato y acetato)
Yogur entero	Fermentación láctica (lactato y acetato)
Zanahoria	Pectinas

ANEXO III: GUÍA DE PREBIÓTICOS

El microbioma intestinal contiene especies microbianas que digieren tanto fibra como proteínas. Los prebióticos, que son componentes de los alimentos no digeribles que sirven de sustrato para las bacterias beneficiosas, ayudan a establecer la relación entre estos microorganismos beneficiosos y su crecimiento, favoreciendo la producción óptima de ácidos grasos de cadena corta (AGCC) que promueven la salud.

Para mantener un equilibrio saludable de las especies microbianas y la producción de compuestos que suprimen la inflamación, como los ácidos grasos de cadena corta (AGCC), se ha demostrado que una alta ingesta de prebióticos y fibras de origen vegetal es la mejor estrategia.

TIPOS DE PREBIÓTICOS

Abrev.	Prebiótico	Abundancia	Función
PAC	Proantocianidinas	5%	Polifenoles con efecto antioxidante y antiinflamatorio. Modulan el microbioma y ayudan a inhibir bacterias patógenas.
RS	Almidón resistente	27%	Fermenta en el colon y aumenta la producción de butirato, mejorando la salud intestinal y metabólica.
PEC	Pectina	27%	Fibra soluble fermentable que favorece bacterias beneficiosas y mejora la función de la barrera intestinal.
AX	Arabinosilano	32%	Estimula bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta, especialmente butirato.
GOS	Galactooligosacáridos	45%	Favorecen bifidobacterias y lactobacilos. Apoyan la función inmunológica.
INU	Inulina	59%	Fibra fermentable que estimula bacterias beneficiosas y mejora el tránsito intestinal.
FOS	Fructooligosacáridos	86%	Principal fuente de energía prebiótica para bacterias beneficiosas. Favorece la diversidad microbiana.

BACTERIAS BENEFICIOSAS Y PREBIÓTICOS ASOCIADOS

Nombre de la especie	Prebióticos para aumentar el crecimiento
<i>Agathobacter faecis</i>	FOS, AX, RS
<i>Agathobacter rectalis</i>	FOS, Inulina, AX, RS
<i>Akkermansia muciniphila</i>	FOS, PAC
<i>Anaerostipes hadrus</i>	FOS, Inulina
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	FOS, Inulina, GOS, Pectina, AX
<i>Bifidobacterium angulatum</i>	FOS, GOS
<i>Bifidobacterium animalis</i>	FOS, Inulina
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	FOS, Inulina, GOS
<i>Bifidobacterium breve</i>	FOS, Inulina, GOS, Pectina, AX, RS
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	FOS, GOS
<i>Bifidobacterium infantis</i>	FOS, Inulina, GOS, AX
<i>Bifidobacterium longum</i>	FOS, Inulina, GOS, Pectina
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	GOS
<i>Coprococcus comes</i>	FOS, Inulina
<i>Coprococcus eutactus</i>	FOS, Inulina
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> (A)	FOS, Inulina, Pectina
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> (C)	FOS, Inulina, Pectina
<i>Lactobacillus gasseri</i>	GOS, Pectina
<i>Roseburia hominis</i>	FOS, AX
<i>Roseburia intestinalis</i>	FOS, AX, RS
<i>Roseburia inulinivorans</i>	FOS, Inulina, RS
<i>Ruminococcus bromii</i>	GOS, RS

MICROORGANISMOS POTENCIALMENTE PERJUDICIALES

Especie	Recomendación dietética
<i>Bilophila wadsworthia</i>	Aumentar inulina y reducir grasas saturadas.
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	Aumentar flavonoides.

ALIMENTOS Y PREBIÓTICOS ASOCIADOS

Alimento	FOS	INU	GOS	PEC	AX	RS	PAC
Ajo	●	●	●	●	●	●	●
Albaricoque	●	●	●	●	●	●	●
Alcachofa de Jerusalén	●	●	●	●	●	●	●
Almendras	●	●	●	●	●	●	●
Anacardos	●	●	●	●	●	●	●
Arroz (cocido y enfriado)	●	●	●	●	●	●	●
Arándanos	●	●	●	●	●	●	●
Arándanos rojos	●	●	●	●	●	●	●
Avellanas	●	●	●	●	●	●	●
Avena	●	●	●	●	●	●	●
Batata	●	●	●	●	●	●	●
Berenjena	●	●	●	●	●	●	●
Cacahuetes	●	●	●	●	●	●	●
Calabaza	●	●	●	●	●	●	●
Canela	●	●	●	●	●	●	●
Cebada	●	●	●	●	●	●	●
Cebolla	●	●	●	●	●	●	●
Cebolletas	●	●	●	●	●	●	●
Centeno	●	●	●	●	●	●	●
Cereales (salvado)	●	●	●	●	●	●	●
Chocolate negro	●	●	●	●	●	●	●
Ciruela	●	●	●	●	●	●	●
Coles de Bruselas	●	●	●	●	●	●	●
Frambuesas	●	●	●	●	●	●	●
Fresas	●	●	●	●	●	●	●
Garbanzos	●	●	●	●	●	●	●
Guisantes	●	●	●	●	●	●	●
Hinojo	●	●	●	●	●	●	●
Judías blancas	●	●	●	●	●	●	●
Judías rojas	●	●	●	●	●	●	●
Kiwi	●	●	●	●	●	●	●
Lentejas rojas	●	●	●	●	●	●	●
Limón	●	●	●	●	●	●	●
Manzana	●	●	●	●	●	●	●
Moras	●	●	●	●	●	●	●
Naranja	●	●	●	●	●	●	●
Pan de centeno	●	●	●	●	●	●	●

Pan integral	●	○	○	○	●	○	○
Pasta enfriada	○	○	○	○	○	●	○
Patata enfriada	○	○	○	○	○	●	○
Pera	○	○	○	●	○	○	○
Pistachos	●	○	○	○	○	○	●
Plátano verde	○	○	○	○	○	●	○
Puerro	●	●	○	○	○	○	○
Raíz de achicoria	○	●	○	○	○	○	○
Remolacha	●	●	○	○	○	○	○
Salvado de trigo	●	○	○	○	●	○	○
Tomate	○	○	○	●	○	○	○
Trigo integral	○	○	○	○	●	○	○
Zanahoria	○	○	○	●	○	○	○

ANEXO IV: TECNOLOGÍA

El análisis metagenómico se realiza mediante secuenciación masiva de ADN con tecnología **Oxford Nanopore**, basada en la lectura directa de moléculas individuales a través de nanoporos. Esta aproximación permite obtener lecturas largas (*long-reads*), favoreciendo una caracterización más completa del microbioma y una mayor resolución taxonómica frente a tecnologías de lectura corta.

Las lecturas obtenidas se someten a procesos de control de calidad, filtrado y análisis bioinformático para obtener datos técnicamente válidos. La clasificación taxonómica se realiza mediante una *pipeline* específica para metagenómica Nanopore, permitiendo identificar los microorganismos presentes y estimar su abundancia relativa desde el nivel de dominio hasta especie.

Además, el análisis incorpora información funcional asociada a la comunidad microbiana, proporcionando una visión complementaria de sus capacidades metabólicas potenciales. Los resultados se generan en archivos tabulares estructurados que incluyen abundancias por especie, clasificación taxonómica y anotación funcional, constituyendo la base para la interpretación clínica del perfil metagenómico intestinal.

ANEXO V: DEFINICIÓN DE LAS FUNCIONES ANALIZADAS

Término	Definición
Bacterias bucales	Microorganismos característicos de la cavidad oral que se detectan en el intestino. Dado que normalmente no colonizan de forma estable el ecosistema intestinal, su presencia elevada puede reflejar un desequilibrio de la microbiota, alteraciones en las barreras digestivas o cambios en el tránsito gastrointestinal.
Barrera intestinal	Microorganismos implicados en el mantenimiento de la integridad del epitelio intestinal. Contribuyen a reforzar las uniones entre células, proteger frente a patógenos, modular la permeabilidad intestinal y preservar una adecuada función de defensa de la mucosa.
Bifidobacterium spp.	Género bacteriano ampliamente estudiado por su potencial probiótico. Se asocia con efectos beneficiosos sobre la digestión, la producción de metabolitos saludables, la modulación inmunitaria y la reducción de procesos inflamatorios intestinales.
Consumidoras de acetato	Microorganismos que utilizan acetato como sustrato metabólico. Su actividad contribuye a modular la disponibilidad de este ácido graso de cadena corta y puede favorecer la producción de otros metabolitos beneficiosos, como el butirato.
Consumidoras de butirato	Bacterias capaces de utilizar butirato como fuente de energía. Cuando se encuentran en exceso pueden reducir la disponibilidad local de este metabolito, limitando sus efectos beneficiosos sobre la mucosa intestinal y la función antiinflamatoria.
Consumidoras de GABA	Microorganismos que degradan o utilizan ácido gamma-aminobutírico (GABA), reduciendo su disponibilidad local. Esta actividad puede influir en la comunicación del eje intestino-cerebro, la motilidad intestinal y la regulación neuroinmunitaria.
Consumidoras de histamina	Bacterias capaces de degradar histamina. Su presencia puede contribuir a regular la acumulación de esta amina biógena y a reducir respuestas asociadas a inflamación, hipersensibilidad, alergias o molestias gastrointestinales.
Consumidoras de lactato	Bacterias que utilizan lactato como sustrato para generar metabolitos beneficiosos, principalmente butirato y propionato. Ayudan a evitar la acumulación excesiva de lactato y contribuyen al equilibrio metabólico del ecosistema intestinal.
Consumidoras de mucus	Bacterias capaces de degradar el moco intestinal. Aunque algunas forman parte de una microbiota comensal equilibrada, su exceso puede comprometer la capa mucosa, aumentar la permeabilidad intestinal y favorecer la interacción directa entre bacterias y epitelio.
Consumidoras de S-equol	Bacterias que degradan o consumen S-equol, modulando su disponibilidad intestinal y sistémica. Su actividad puede influir en los efectos hormonales asociados a este metabolito derivado de las isoflavonas.
Consumidoras de succinato	Microorganismos que metabolizan succinato y ayudan a controlar su acumulación. Esta función contribuye al equilibrio metabólico de la microbiota y puede limitar efectos proinflamatorios asociados a concentraciones elevadas de succinato.
Consumidoras de trimetilamina	Bacterias capaces de degradar trimetilamina (TMA), contribuyendo a reducir su disponibilidad como precursor de TMAO. Esta función puede tener relevancia en la modulación del riesgo cardiometabólico.
Estimuladoras del mucus	Bacterias que favorecen la producción de moco por las células caliciformes intestinales. Contribuyen a reforzar la barrera mucosa, proteger frente a patógenos, mantener el epitelio y reducir la translocación bacteriana.
Formadoras del estroboloma	Microorganismos que forman parte del estroboloma, el conjunto funcional de la microbiota capaz de transformar estrógenos conjugados inactivos en formas libres activas que pueden recircular. Su desequilibrio puede influir en la homeostasis hormonal.
Inmunomoduladoras	Bacterias que interactúan con el sistema inmunitario y contribuyen a regular la tolerancia, la respuesta frente a patógenos y el control de la inflamación. Un perfil equilibrado ayuda a prevenir respuestas inflamatorias excesivas.
Lactobacillus spp.	Grupo de bacterias lácticas ampliamente utilizado en el ámbito probiótico. Se relaciona con la salud digestiva, la producción de ácidos orgánicos, la competencia frente a patógenos y la modulación de la respuesta inmunitaria.
Metabolizadoras de ácidos biliares	Bacterias capaces de transformar ácidos biliares primarios en ácidos biliares secundarios mediante procesos como la desconjugación. Esta actividad puede influir en la digestión de grasas, la señalización metabólica y el equilibrio intestinal.
Metabolizadoras de la lactosa (tolerancia a la lactosa)	Bacterias capaces de metabolizar lactosa y facilitar su aprovechamiento en el intestino. Su presencia puede contribuir a mejorar la tolerancia digestiva en personas con menor capacidad para digerir este azúcar.

Otras especies probióticas	Microorganismos con potencial beneficio para el huésped por su capacidad de producir metabolitos saludables, competir con patógenos, modular el sistema inmunitario o contribuir al equilibrio funcional de la microbiota intestinal.
Piel disruptor	Bacterias asociadas con alteraciones de la barrera cutánea a través de metabolitos que pueden absorberse y circular sistémicamente. Su desequilibrio puede contribuir a procesos inflamatorios o disfunciones relacionadas con la piel.
Piel protector	Bacterias que pueden favorecer la salud de la barrera cutánea mediante la producción de metabolitos con efectos beneficiosos a nivel sistémico. Su actividad puede contribuir a la modulación inflamatoria y al mantenimiento de la integridad cutánea.
Productora de IAA	Microorganismos que generan ácido indolacético (IAA), un metabolito derivado del triptófano con funciones señalizadoras en el eje intestino-cerebro. En determinados contextos puede transformarse en compuestos como el indoxil sulfato, con potencial impacto renal si se acumula.
Productora de lipopolisacáridos (LPS)	Bacterias gramnegativas productoras de lipopolisacáridos, moléculas estructurales de la membrana externa bacteriana. Una liberación elevada de LPS puede activar respuestas inmunitarias, favorecer inflamación sistémica y aumentar la permeabilidad intestinal.
Productora de S-equol	Bacterias capaces de convertir isoflavonas en S-equol, un metabolito con actividad estrogénica débil. Su producción puede contribuir al equilibrio hormonal y se ha relacionado con el alivio de ciertos síntomas asociados a la menopausia.
Productoras de acetato	Microorganismos que producen acetato, un ácido graso de cadena corta relevante para el metabolismo energético, la regulación del apetito, el mantenimiento de la barrera intestinal y la modulación del sistema inmunitario.
Productoras de acetilcolina	Bacterias capaces de producir acetilcolina, un neurotransmisor implicado en la motilidad intestinal, la comunicación neuronal y la regulación de funciones fisiológicas del eje intestino-cerebro.
Productoras de amonio	Microorganismos que liberan amonio como subproducto del metabolismo nitrogenado. Su acumulación puede resultar tóxica y afectar negativamente a la función intestinal, al equilibrio metabólico y al bienestar general.
Productoras de BCFA	Bacterias que generan ácidos grasos de cadena ramificada (BCFA) como resultado del metabolismo proteico. Aunque forman parte del metabolismo microbiano normal, una producción elevada puede relacionarse con exceso de fermentación proteica e inflamación intestinal.
Productoras de butirato	Microorganismos beneficiosos que producen butirato, un ácido graso de cadena corta esencial para la salud intestinal. El butirato actúa como fuente de energía para los colonocitos, refuerza la barrera intestinal y ejerce efectos antiinflamatorios.
Productoras de cadaverina	Microorganismos capaces de producir cadaverina, una amina biógena derivada de la descarboxilación de la lisina. Su acumulación puede participar en la modulación de la permeabilidad intestinal, la respuesta inflamatoria y las interacciones microbio-huésped.
Productoras de dopamina	Microorganismos capaces de sintetizar dopamina, un neurotransmisor relacionado con la motivación, la recompensa, la regulación intestinal y la comunicación del eje intestino-cerebro.
Productoras de etanol	Microorganismos que fermentan sustratos y generan etanol. Una sobreproducción intestinal puede asociarse a disbiosis, daño hepático o fenómenos de autofermentación en contextos específicos.
Productoras de formato	Microorganismos capaces de generar formato o ácido fórmico como producto metabólico, principalmente mediante fermentación anaerobia de carbohidratos y aminoácidos. Participan en el metabolismo energético microbiano y en interacciones tróficas entre especies.
Productoras de GABA	Microorganismos que producen ácido gamma-aminobutírico (GABA), un neurotransmisor inhibitorio con capacidad para modular la motilidad gastrointestinal, la sensibilidad visceral y la comunicación del eje intestino-cerebro.
Productoras de glutamato	Bacterias que sintetizan glutamato, un neurotransmisor excitador implicado en funciones neuronales, metabólicas e intestinales. Su desequilibrio puede influir en la motilidad y contribuir a síntomas como diarrea o estreñimiento.
Productoras de hidrógeno	Microorganismos que producen hidrógeno como subproducto de la fermentación intestinal. Una producción elevada puede contribuir a acumulación de gas, hinchazón, distensión abdominal y desequilibrios fermentativos.
Productoras de histamina	Microorganismos capaces de producir histamina a partir de aminoácidos. Un exceso puede contribuir a inflamación, síntomas alérgicos, hipersensibilidad alimentaria y alteraciones gastrointestinales.

Productoras de indol	Bacterias que metabolizan el triptófano y generan indoles. Estos compuestos pueden ejercer efectos beneficiosos o perjudiciales según el contexto, la concentración y el equilibrio funcional de la microbiota.
Productoras de IPA	Bacterias que sintetizan ácido indol-3-propiónico (IPA), un metabolito derivado del triptófano con propiedades antioxidantes, antiinflamatorias y potencialmente neuroprotectoras, asociado al mantenimiento de la homeostasis intestinal.
Productoras de lactato	Microorganismos que generan lactato como producto fermentativo. El lactato puede ser beneficioso cuando otras bacterias lo transforman en butirato o propionato, pero su acumulación excesiva puede favorecer acidificación, disbiosis y molestias digestivas.
Productoras de metano	Arqueas intestinales que producen metano durante la fermentación. Su presencia elevada se ha asociado con tránsito intestinal más lento, acumulación de gas y síntomas compatibles con estreñimiento o distensión abdominal.
Productoras de p-cresol	Bacterias que producen p-cresol, un metabolito derivado del metabolismo proteico. En exceso puede dañar la mucosa intestinal y, si se acumula sistémicamente, actuar como toxina urémica.
Productoras de propionato	Bacterias que sintetizan propionato, un ácido graso de cadena corta con funciones beneficiosas sobre el metabolismo energético, el control del apetito, la salud metabólica y la regulación inmunitaria.
Productoras de quinolinato	Microorganismos capaces de sintetizar quinolinato, un metabolito neuroactivo derivado de la vía del triptófano-quinurenina. Su acumulación se ha asociado con procesos de neuroinflamación y alteraciones del equilibrio neuroinmunitario.
Productoras de sulfuro de hidrógeno	Microorganismos capaces de generar sulfuro de hidrógeno (H ₂ S). En concentraciones fisiológicas puede participar en señalización, pero en exceso puede dañar el epitelio intestinal, favorecer disbiosis y generar gases de olor intenso característico.
Productoras de tiramina	Microorganismos capaces de producir tiramina, una amina biógena derivada de la descarboxilación de la tirosina. Su acumulación puede tener efectos neuromoduladores, vasculares e inmunológicos a nivel intestinal y sistémico.
Productoras de trimetilamina	Microorganismos que metabolizan colina, carnitina y otros compuestos dietéticos para generar trimetilamina (TMA), precursora de TMAO. Este metabolito se ha relacionado con procesos cardiometabólicos y riesgo cardiovascular.
Productoras de triptamina	Microorganismos que convierten el triptófano en triptamina, un neuromodulador intestinal capaz de influir en la motilidad, la secreción intestinal y la regulación inmunitaria local.
Productoras de vitamina B12	Bacterias capaces de producir cobalamina o vitamina B12, micronutriente esencial para el sistema nervioso, la síntesis de ADN y la formación de glóbulos rojos.
Productoras de vitamina B9	Microorganismos capaces de sintetizar ácido fólico o vitamina B9, nutriente esencial para la síntesis de ADN, la división celular y el mantenimiento de funciones metabólicas clave.
Productoras de vitamina K2	Bacterias que generan menaquinonas o vitamina K2, compuestos importantes para la coagulación, el metabolismo óseo y la regulación de procesos relacionados con la salud cardiovascular.
Proinflamatorias	Microorganismos asociados a la activación del sistema inmunitario y a procesos de inflamación crónica intestinal. Una presencia elevada puede contribuir a disbiosis y relacionarse con enfermedades inflamatorias, metabólicas o alteraciones de la permeabilidad intestinal.
Proteolíticas	Bacterias que degradan proteínas y producen metabolitos como amoníaco, indoles, fenoles o aminas biógenas. Una actividad proteolítica elevada puede resultar perjudicial para la mucosa intestinal y favorecer inflamación o translocación bacteriana.
Regulación de serotonina	Bacterias implicadas en la síntesis, disponibilidad o modulación de serotonina. Esta función puede influir en el estado de ánimo, la motilidad intestinal, la sensibilidad visceral y la regulación del apetito.
Reguladoras de la síntesis de quinurenina	Microorganismos que modulan la vía del triptófano-quinurenina, implicada en la comunicación entre metabolismo, sistema inmunitario y sistema nervioso. Su desequilibrio puede relacionarse con neuroinflamación y salud mental.
Reguladoras del mucus	Microorganismos capaces de estimular la producción o degradación de mucina, principal componente del moco intestinal. En equilibrio contribuyen a mantener una mucosa funcional; en exceso o defecto pueden comprometer la barrera intestinal.
Sensibilidad al trigo	Bacterias asociadas con la degradación de componentes del trigo y con la modulación de respuestas inmunitarias en personas sensibles al gluten u otros compuestos del cereal. Su desequilibrio puede contribuir a síntomas intestinales.

References

METAGENÓMICA (OXFORD NANOPORE)

- [1] Deamer, D., Akeson, M., Branton, D. (2016). Three decades of nanopore sequencing. *Nature Biotechnology*, 34(5), 518–524. <https://doi.org/10.1038/nbt.3423>
- [2] Quick, J., Loman, N. J., Durrant, S., Simpson, J. T., Severi, E., Cowley, L., Bore, J. A., Koundouno, R., Dudas, G., Mikhail, A., Ouédraogo, N., Afrough, B., Bah, A., Baum, J. H. J., Becker-Ziaja, B., Boettcher, J. P., Cabeza-Cabrerizo, M., Camino-Sánchez, A., Carter, L. L., ... Carroll, M. W. (2016). Real-time, portable genome sequencing for Ebola surveillance. *Nature*, 530(7589), 228–232. <https://doi.org/10.1038/nature16996>
- [3] Moss, E. L., Maghini, D. G., Bhatt, A. S. (2020). Complete, closed bacterial genomes from microbiomes using nanopore sequencing. *Nature Biotechnology*, 38(6), 701–707. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0422-6>
- [4] Tyler, A. D., Mataseje, L., Urfano, C. J., Schmidt, L., Antonation, K. S., Mulvey, M. R., Corbett, C. R. (2018). Evaluation of Oxford Nanopore's MinION sequencing device for microbial whole genome sequencing applications. *Scientific Reports*, 8, 10931. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-29334-5>
- [5] Leggett, R. M., Clark, M. D. (2017). A world of opportunities with nanopore sequencing. *Journal of Experimental Botany*, 68(20), 5419–5429. <https://doi.org/10.1093/jxb/erx289>
- [6] Laver, T., Harrison, J., O'Neill, P. A., Moore, K., Farbos, A., Paszkiewicz, K., Studholme, D. J. (2015). Assessing the performance of the Oxford Nanopore Technologies MinION. *Biomolecular Detection and Quantification*, 3, 1–8. <https://doi.org/10.1016/j.bdq.2015.02.001>

CONSORCIOS INTERNACIONALES DE MICROBIOMA

- [7] Human Microbiome Project Consortium. (2012). Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 486(7402), 207–214. <https://doi.org/10.1038/nature11234>
- [8] The Integrative Human Microbiome Project Research Network Consortium. (2019). The Integrative Human Microbiome Project. *Nature*, 569(7758), 641–648. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1238-8>
- [9] Qin, J., Li, R., Raes, J., Arumugam, M., Burgdorf, K. S., Manichanh, C., Nielsen, T., Pons, N., Levenez, F., Yamada, T., Mende, D. R., Li, J., Xu, J., Li, S., Li, D., Cao, J., Wang, B., Liang, H., Zheng, H., Xie, Y., Tap, J., Lepage, P., Bertalan, M., Batto, J. M., Hansen, T., Le Paslier, D., Linneberg, A., Nielsen, H. B., Pelletier, E., Renault, P., Sicheritz-Ponten, T., Turner, K., Zhu, H., Yu, C., Jian, M., Zhou, Y., Li, Y., Zhang, X., Qin, N., Yang, H., Wang, J., Brunak, S., Doré, J., Guarner, F., Kristiansen, K., Pedersen, O., Parkhill, J., Weissenbach, J., Bork, P., Ehrlich, S. D., Wang, J. (2010). A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*, 464(7285), 59–65. <https://doi.org/10.1038/nature08821>
- [10] Gilbert, J. A., Jansson, J. K., Knight, R. (2014). The Earth Microbiome Project: Successes and aspirations. *BMC Biology*, 12, 69. <https://doi.org/10.1186/s12915-014-0069-1>
- [11] International Human Microbiome Consortium. (s. f.). International Human Microbiome Consortium. <https://human-microbiome.org>
- [12] Human Microbiome Project. (s. f.). Human Microbiome Project Data Analysis and Coordination Center. <https://hmpdacc.org>

SOCIEDADES CIENTÍFICAS Y GUÍAS DE GASTROENTEROLOGÍA

- [13] Su, G. L., Ko, C. W., Bercik, P., Falck-Ytter, Y., Sultan, S., Weizman, A. V., Morgan, R. L. (2020). AGA Clinical Practice Guidelines on the Role of Probiotics in the Management of Gastrointestinal Disorders. *Gastroenterology*, 159(2), 697–705. <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2020.05.059>
- [14] Ko, C. W., Singh, S., Feuerstein, J. D., Falck-Ytter, C., Falck-Ytter, Y., Cross, R. K., American Gastroenterological Association Institute Clinical Guidelines Committee. (2019). AGA Clinical Practice Guidelines on the Management of Mild-to-Moderate Ulcerative Colitis. *Gastroenterology*, 156(3), 748–764. <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2018.12.009>
- [15] Lacy, B. E., Pimentel, M., Brenner, D. M., Chey, W. D., Keefer, L. A., Long, M. D., Moshiree, B., Chang, L., Lembo, A. J. (2021). ACG Clinical Guideline: Management of Irritable Bowel Syndrome. *American Journal of Gastroenterology*, 116(1), 17–44. <https://doi.org/10.14309/AJG.0000000000001036>
- [16] Kelly, C. R., Fischer, M., Allegretti, J. R., LaPlante, K., Stewart, D. B., Limketkai, B. N., Stollman, N. H. (2021). ACG Clinical Guidelines: Prevention, Diagnosis, and Treatment of Clostridioides difficile Infections. *American Journal of Gastroenterology*, 116(6), 1124–1147. <https://doi.org/10.14309/ajg.0000000000001278>

- [17] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Probiotics and Prebiotics. Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org/guidelines/probiotics-and-prebiotics/probiotics-and-prebiotics-english>
- [18] Guarner, F., Sanders, M. E., Eliakim, R., Fedorak, R., Gangl, A., Garisch, J., Kaufmann, P., Karakan, T., Khan, A. G., Kim, N., de Paula, J. A., Ramakrishna, B., Shanahan, F., Szajewska, H., Thomson, A., Le Mair, A. (2023). World Gastroenterology Organisation Global Guidelines: Probiotics and Prebiotics. World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org/User-Files/file/guidelines/probiotics-and-prebiotics-english-2023.pdf>
- [19] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Irritable Bowel Syndrome. Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org>
- [20] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Inflammatory Bowel Disease. Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org>
- [21] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Helicobacter pylori. Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org>
- [22] World Gastroenterology Organisation. (2023). WGO Global Guidelines: Small Intestinal Bacterial Overgrowth (SIBO). Milwaukee, WI: World Gastroenterology Organisation. <https://www.worldgastroenterology.org>
- [23] Harbord, M., Eliakim, R., Bettenworth, D., Karmiris, K., Katsanos, K., Kopylov, U., Kucharzik, T., Molnár, T., Raine, T., Sebastian, S., de Sousa, H. T., Dignass, A., Carbonnel, F., European Crohn's and Colitis Organisation. (2017). Third European Evidence-Based Consensus on Diagnosis and Management of Ulcerative Colitis. Part 2: Current Management. Journal of Crohn's and Colitis, 11(7), 769–784. <https://doi.org/10.1093/ecco-jcc/jjx009>
- [24] Torres, J., Bonovas, S., Doherty, G., Kucharzik, T., Gisbert, J. P., Raine, T., Adamina, M., Armuzzi, A., Bachmann, O., Bager, P., Biancone, L., Bokemeyer, B., Bossuyt, P., Burisch, J., Collins, P., El-Hussuna, A., Ellul, P., Fiorino, G., Frei-Lanter, C., ... Magro, F. (2020). ECCO Guidelines on Therapeutics in Crohn's Disease: Medical Treatment. Journal of Crohn's and Colitis, 14(1), 4–22. <https://doi.org/10.1093/ecco-jcc/jjz180>

SOCIEDADES Y DOCUMENTOS ESPAÑOLES DE MICROBIOTA, PROBIÓTICOS, PREBIÓTICOS Y PATOLOGÍA DIGESTIVA

- [25] Sociedad Española de Farmacia Familiar y Comunitaria, Sociedad Española de Probióticos y Prebióticos. (2018). Guía de actuación y documento de consenso sobre el manejo de probióticos y/o prebióticos en la farmacia comunitaria. SEFAC-SEPyP. [Guía SEFAC-SEPyP sobre probióticos](#)
- [26] Sociedad Española de Microbiota, Probióticos y Prebióticos. (s. f.). Publicaciones científicas. SEMiPyP. <https://semipy.es/publicaciones-cientificas/>
- [27] De la Fuente del Rey, M., González-Pinto, A., Pérez-Miralles, F. C. (Coords.). (2021). Documento de consenso sobre la microbiota y el uso de probióticos/prebióticos en patologías neurológicas y psiquiátricas. Sociedad Española de Microbiota, Probióticos y Prebióticos, Sociedad Española de Psiquiatría Biológica y Sociedad Española de Neurología. ISBN: 978-84-17844-98-1.
- [28] Evaristo Suárez, J., Álvarez Calatayud, G., otros autores. (Eds.). (2022). Microbiota, probióticos y prebióticos: evidencia científica. Madrid: Ergon. ISBN: 978-84-18576-49-2.
- [29] Sociedad Española de Patología Digestiva. (s. f.). Posicionamientos y consensos. SEPD.
- [30] Sociedad Española de Patología Digestiva. (2023). Sobrecrecimiento bacteriano intestinal: Documento de posicionamiento. SEPD.
- [31] Sociedad Española de Nutrición Clínica y Metabolismo. (2022). Manual SENPE de Nutrición Clínica y Dietética. Madrid: SENPE.
- [32] Sociedad Española de Nutrición Clínica y Metabolismo. (2023). Guías SENPE de Nutrición Clínica. Madrid: SENPE.

PEDIATRÍA, GASTROENTEROLOGÍA PEDIÁTRICA Y PROBIÓTICOS

- [33] Szajewska, H., Canani, R. B., Guarino, A., Hojsak, I., Indrio, F., Kolacek, S., Orel, R., Shamir, R., Vandenplas, Y., van Goudoever, J. B., European Society for Paediatric Gastroenterology, Hepatology and Nutrition. (2020). Probiotics for the Management of Pediatric Gastrointestinal Disorders: Position Paper of the ESPGHAN Special Interest Group on Gut Microbiota and Modifications. Journal of Pediatric Gastroenterology and Nutrition, 70(5), 664–680. <https://doi.org/10.1097/MPG.0000000000002654>
- [34] Vandenplas, Y., Huys, G., Daube, G. (2015). Probiotics: An update. Journal of Pediatric Gastroenterology and Nutrition, 61(4), 531–539. <https://doi.org/10.1097/MPG.0000000000000812>

NUTRICIÓN CLÍNICA, DIETA Y MICROBIOTA

- [35] Bischoff, S. C., Escher, J., Hébuterne, X., Kłęk, S., Krznarić, Ž., Schneider, S., Shamir, R., Stadelova, K., Wierdsma, N., Wiskin, A. E., Forbes, A., ESPEN. (2020). ESPEN Practical Guideline: Clinical Nutrition in Inflammatory Bowel Disease. *Clinical Nutrition*, 39(3), 632–653. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2019.11.002>
- [36] Singer, P., Blaser, A. R., Berger, M. M., Alhazzani, W., Calder, P. C., Casaer, M. P., Hiesmayr, M., Mayer, K., Montejó, J. C., Pichard, C., Preiser, J. C., van Zanten, A. R. H., Oczkowski, S., Szczeklik, W., Bischoff, S. C. (2019). ESPEN Guideline on Clinical Nutrition in the Intensive Care Unit. *Clinical Nutrition*, 38(1), 48–79. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2018.08.037>
- [37] Volkert, D., Beck, A. M., Cederholm, T., Cruz-Jentoft, A., Goisser, S., Hooper, L., Kiesswetter, E., Maggio, M., Raynaud-Simon, A., Sieber, C. C., Sobotka, L., van Asselt, D., Wirth, R., Bischoff, S. C. (2019). ESPEN Guideline on Clinical Nutrition and Hydration in Geriatrics. *Clinical Nutrition*, 38(1), 10–47. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2018.05.024>
- [38] David, L. A., Maurice, C. F., Carmody, R. N., Gootenberg, D. B., Button, J. E., Wolfe, B. E., Ling, A. V., Devlin, A. S., Varma, Y., Fischbach, M. A., Biddinger, S. B., Dutton, R. J., Turnbaugh, P. J. (2014). Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*, 505(7484), 559–563. <https://doi.org/10.1038/nature12820>
- [39] Zmora, N., Suez, J., Elinav, E. (2019). You are what you eat: Diet, health and the gut microbiota. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 16(1), 35–56. <https://doi.org/10.1038/s41575-018-0061-2>
- [40] Valdés, L., Cuervo, A., Salazar, N., Ruas-Madiedo, P., Gueimonde, M., González, S. (2015). The relationship between phenolic compounds from diet and microbiota: Impact on human health. *Frontiers in Microbiology*, 6, 1–14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01058>
- [41] Ghosh, T. S., Rampelli, S., Jeffery, I. B., Santoro, A., Neto, M., Capri, M., Giampieri, E., Jennings, A., Candela, M., Turroni, S., Zoetendal, E. G., Hermes, G. D. A., Elodie, M., Brzozowska, A., de Groot, L., Feskens, E. J. M., Kaluza, J., Pietruszka, B., Fairweather-Tait, S., ... O'Toole, P. W. (2020). Mediterranean diet intervention alters the gut microbiome in older people. *Gut*, 69(7), 1218–1228. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2019-319654>

PROBIÓTICOS, PREBIÓTICOS, SIMBIÓTICOS Y POSTBIÓTICOS

- [42] Hill, C., Guarner, F., Reid, G., Gibson, G. R., Merenstein, D. J., Pot, B., Morelli, L., Canani, R. B., Flint, H. J., Salminen, S., Calder, P. C., Sanders, M. E. (2014). Expert consensus document: The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the scope and appropriate use of probiotics. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 11(8), 506–514. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2014.66>
- [43] Gibson, G. R., Hutkins, R., Sanders, M. E., Prescott, S. L., Reimer, R. A., Salminen, S. J., Scott, K., Stanton, C., Swanson, K. S., Cani, P. D., Verbeke, K., Reid, G. (2017). The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the definition and scope of probiotics. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 14(8), 491–502. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2017.75>
- [44] Swanson, K. S., Gibson, G. R., Hutkins, R., Reimer, R. A., Reid, G., Verbeke, K., Scott, K. P., Holscher, H. D., Azad, M. B., Delzenne, N. M., Sanders, M. E. (2020). The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the definition and scope of synbiotics. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 17(11), 687–701. <https://doi.org/10.1038/s41575-020-0344-2>
- [45] Salminen, S., Collado, M. C., Endo, A., Hill, C., Lebeer, S., Quigley, E. M. M., Sanders, M. E., Shamir, R., Swann, J. R., Szajewska, H., Vinderola, G. (2021). The International Scientific Association of Probiotics and Prebiotics consensus statement on the definition and scope of postbiotics. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 18(9), 649–667. <https://doi.org/10.1038/s41575-021-00440-6>
- [46] Sanders, M. E., Merenstein, D. J., Reid, G., Gibson, G. R., Rastall, R. A. (2019). Probiotics and prebiotics in intestinal health and disease: From biology to the clinic. *Nature Reviews Gastroenterology Hepatology*, 16(10), 605–616. <https://doi.org/10.1038/s41575-019-0173-3>

PERMEABILIDAD INTESTINAL, MUCOSA Y BARRERA EPITELIAL

- [47] Fasano, A. (2012). Intestinal permeability and its regulation by zonulin: Diagnostic and therapeutic implications. *Clinical Gastroenterology and Hepatology*, 10(10), 1096–1100. <https://doi.org/10.1016/j.cgh.2012.08.012>
- [48] Bischoff, S. C., Barbara, G., Buurman, W., Ockhuizen, T., Schulzke, J. D., Serino, M., Tilg, H., Watson, A., Wells, J. M. (2014). Intestinal permeability—A new target for disease prevention and therapy. *BMC Gastroenterology*, 14, 189. <https://doi.org/10.1186/s12876-014-0189-7>
- [49] Camilleri, M. (2019). Leaky gut: Mechanisms, measurement and clinical implications in humans. *Gut*, 68(8), 1516–1526. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2019-318427>
- [50] Turner, J. R. (2009). Intestinal mucosal barrier function in health and disease. *Nature Reviews Immunology*, 9(11), 799–809. <https://doi.org/10.1038/nri2653>

LPS, ENDOTOXEMIA E INFLAMACIÓN METABÓLICA

- [51] Cani, P. D., Amar, J., Iglesias, M. A., Poggi, M., Knauf, C., Bastelica, D., Neyrinck, A. M., Fava, F., Tuohy, K. M., Chabo, C., Waget, A., Delmée, E., Cousin, B., Sulpice, T., Chamontin, B., Ferrières, J., Tanti, J. F., Gibson, G. R., Casteilla, L., Delzenne, N. M., Alessi, M. C., Burcelin, R. (2007). Metabolic endotoxemia initiates obesity and insulin resistance. *Diabetes*, 56(7), 1761–1772. <https://doi.org/10.2337/db06-1491>
- [52] Cani, P. D. (2018). Human gut microbiome: Hopes, threats and promises. *Gut*, 67(9), 1716–1725. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2018-316723>
- [53] Tilg, H., Zmora, N., Adolph, T. E., Elinav, E. (2020). The intestinal microbiota fuelling metabolic inflammation. *Nature Reviews Immunology*, 20(1), 40–54. <https://doi.org/10.1038/s41577-019-0198-4>

SCFA, BUTIRATO Y METABOLITOS MICROBIANOS

- [54] Canani, R. B., Costanzo, M. D., Leone, L., Pedata, M., Meli, R., Calignano, A. (2011). Potential beneficial effects of butyrate in intestinal and extraintestinal diseases. *World Journal of Gastroenterology*, 17(12), 1519–1528. <https://doi.org/10.3748/wjg.v17.i12.1519>
- [55] Louis, P., Flint, H. J. (2017). Formation of propionate and butyrate by the human colonic microbiota. *Environmental Microbiology*, 19(1), 29–41. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13589>
- [56] Silva, Y. P., Bernardi, A., Frozza, R. L. (2020). The role of short-chain fatty acids from gut microbiota in gut-brain communication. *Frontiers in Endocrinology*, 11, 25. <https://doi.org/10.3389/fendo.2020.00025>
- [57] Koh, A., De Vadder, F., Kovatcheva-Datchary, P., Bäckhed, F. (2016). From dietary fiber to host physiology: Short-chain fatty acids as key bacterial metabolites. *Cell*, 165(6), 1332–1345. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.05.041>

HISTAMINA Y AMINAS BIÓGENAS

- [58] Maintz, L., Novak, N. (2007). Histamine and histamine intolerance. *American Journal of Clinical Nutrition*, 85(5), 1185–1196. <https://doi.org/10.1093/ajcn/85.5.1185>
- [59] Comas-Basté, O., Latorre-Moratalla, M. L., Sánchez-Pérez, S., Veciana-Nogués, M. T., Vidal-Carou, M. C. (2020). Histamine intolerance: The current state of the art. *Biomolecules*, 10(8), 1181. <https://doi.org/10.3390/biom10081181>
- [60] Schink, M., Konturek, P. C., Tietz, E., Dieterich, W., Pinzer, T. C., Wirtz, S., Neurath, M. F., Zopf, Y., Konturek, K. (2018). Microbial patterns in patients with histamine intolerance. *Journal of Physiology and Pharmacology*, 69(4), 579–593. <https://doi.org/10.26402/jpp.2018.4.09>

EJE INTESTINO-CEREBRO, PSIQUIATRÍA NUTRICIONAL Y NEUROINFLAMACIÓN

- [61] Cryan, J. F., O'Riordan, K. J., Cowan, C. S. M., Sandhu, K. V., Bastiaanssen, T. F. S., Boehme, M., Codagnone, M. G., Cusotto, S., Fulling, C., Golubeva, A. V., Guzzetta, K. E., Jaggar, M., Long-Smith, C. M., Lyte, J. M., Martin, J. A., Molinero-Perez, A., Moloney, G. M., Morelli, E., Morillas, E., O'Connor, R., Cruz-Pereira, J. S., Peterson, V. L., Rea, K., Ritz, N. L., Sherwin, E., Spichak, S., Teichman, E. M., Van de Wouw, M., Ventura-Silva, A. P., Wallace-Fitzsimons, S. E., Hyland, N. P., Dinan, T. G. (2019). The microbiota-gut-brain axis. *Physiological Reviews*, 99(4), 1877–2013. <https://doi.org/10.1152/physrev.00018.2018>
- [62] Mayer, E. A., Knight, R., Mazmanian, S. K., Cryan, J. F., Tillisch, K. (2014). Gut microbes and the brain: Paradigm shift in neuroscience. *Journal of Neuroscience*, 34(46), 15490–15496. <https://doi.org/10.1523/JNEUROSCI.3299-14.2014>
- [63] Sherwin, E., Rea, K., Dinan, T. G., Cryan, J. F. (2016). A gut microbiome feeling about the brain. *Trends in Neurosciences*, 39(11), 665–667. <https://doi.org/10.1016/j.tins.2016.09.001>
- [64] Sarris, J., Logan, A. C., Akbaraly, T. N., Amminger, G. P., Balanzá-Martínez, V., Freeman, M. P., Hibbeln, J., Matsuoka, Y., Mischoulon, D., Mizoue, T., Nanri, A., Nishi, D., Parletta, N., Ramsey, D., Rucklidge, J. J., Sanchez-Villegas, A., Scholey, A., Su, K. P., Jacka, F. N. (2015). Nutritional medicine as mainstream in psychiatry. *The Lancet Psychiatry*, 2(3), 271–274. [https://doi.org/10.1016/S2215-0366\(14\)00051-0](https://doi.org/10.1016/S2215-0366(14)00051-0)

AUTISMO, TDAH Y NEURODESARROLLO

- [65] Kang, D. W., Adams, J. B., Gregory, A. C., Borody, T., Chittick, L., Fasano, A., Khoruts, A., Geis, E., Maldonado, J., McDonough-Means, S., Pollard, E. L., Roux, S., Sadowsky, M. J., Lipson, K. S., Sullivan, M. B., Caporaso, J. G., Krajmalnik-Brown, R. (2017). Microbiota transfer therapy alters gut ecosystem and improves gastrointestinal and autism symptoms: An open-label study. *Microbiome*, 5(1), 10. <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0225-7>
- [66] Vuong, H. E., Hsiao, E. Y. (2017). Emerging roles for the gut microbiome in autism spectrum disorder. *Biological Psychiatry*, 81(5), 411–423. <https://doi.org/10.1016/j.biopsych.2016.08.024>
- [67] Bundgaard-Nielsen, C., Knudsen, J., Leutscher, P. D. C., Lauritsen, M. B., Nyegaard, M., Hagstrøm, S., Sørensen, S., Brix, S. (2020). Gut microbiota profiles of autism spectrum disorder and attention deficit/hyperactivity disorder. *Gut Microbes*, 11(5), 1170–1187. <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1712585>

ESTROBOLOMA Y SALUD HORMONAL

- [68] Plottel, C. S., Blaser, M. J. (2011). Microbiome and malignancy. *Cell Host Microbe*, 10(4), 324–335. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2011.10.003>
- [69] Baker, J. M., Al-Nakkash, L., Herbst-Kralovetz, M. M. (2017). Estrogen–gut microbiome axis: Physiological and clinical implications. *Maturitas*, 103, 45–53. <https://doi.org/10.1016/j.maturitas.2017.06.025>
- [70] Kwa, M., Plottel, C. S., Blaser, M. J., Adams, S. (2016). The intestinal microbiome and estrogen receptor-positive breast cancer. *Journal of the National Cancer Institute*, 108(8), djw029. <https://doi.org/10.1093/jnci/djw029>
- [71] Setchell, K. D. R., Brown, N. M., Lydeking-Olsen, E. (2002). The clinical importance of the metabolite equol. *Journal of Nutrition*, 132(12), 3577–3584. <https://doi.org/10.1093/jn/132.12.3577>
- [72] Lampe, J. W. (2009). Is equol the key to the efficacy of soy foods? *American Journal of Clinical Nutrition*, 89(5), 1664S–1667S. <https://doi.org/10.3945/ajcn.2009.26736S>



»» Contacto

Parque Científico
Universidad de Valencia
C/ Agustín Escardino Benlloch, 9
Paterna, Valencia
(+34) 617 28 05 82

info@overgenes.com
www.overgenes.com