

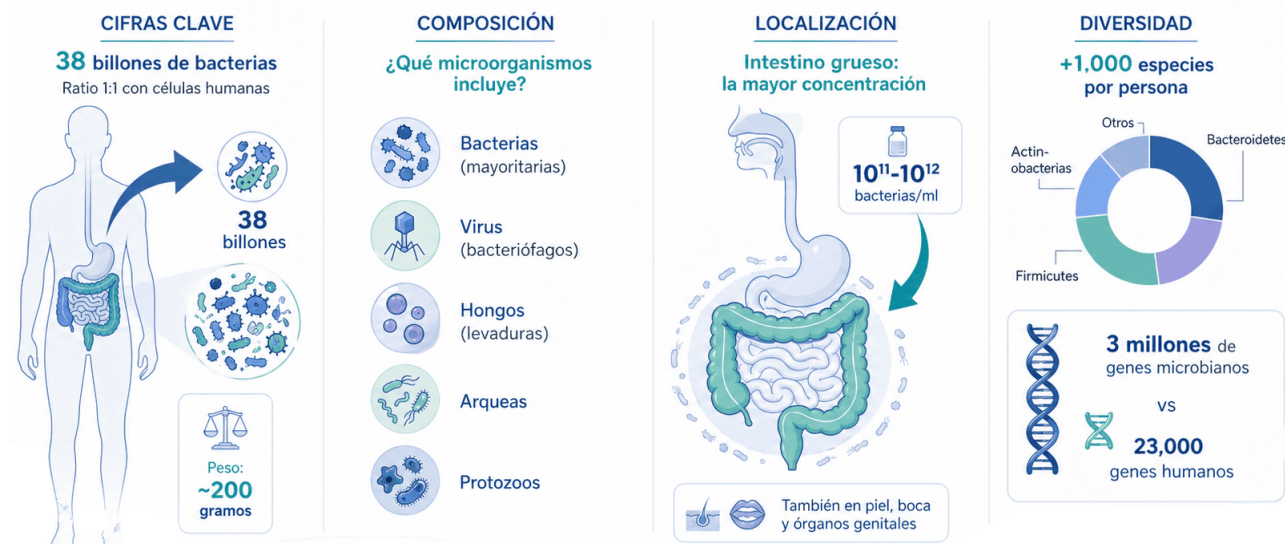


METAGENÓMICA

My *Biota*

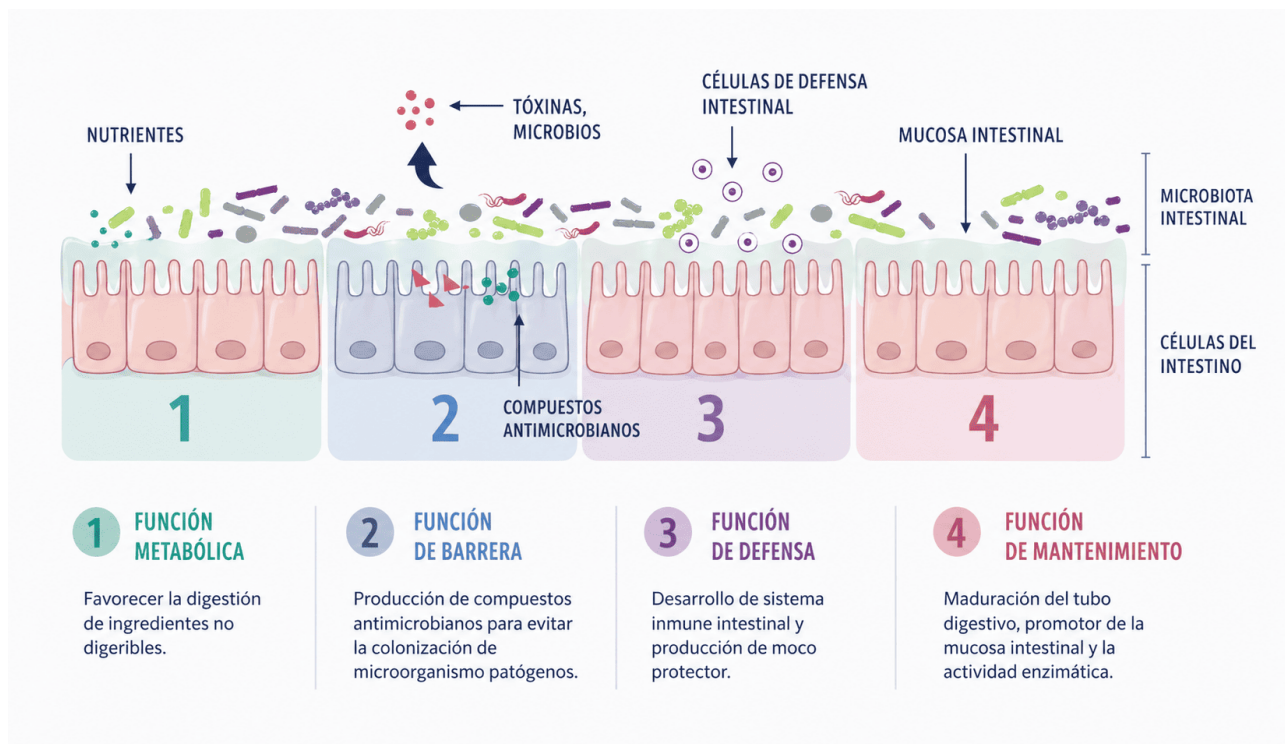
Microbioma intestinal

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 resume el estado de los diferentes dominios funcionales analizados, indicando el resultado obtenido y su posible implicación clínica.

	Dominio funcional	Resultado	Implicación clínica
	DIVERSIDAD GLOBAL	● Sobrecargado	La diversidad alta no siempre es protectora si coexiste con exceso de fermentación, microorganismos orales u oportunistas.
	HOMEOSTASIS INTESTINAL	● Desfavorable	Desequilibrio conjunto de barrera, inmunidad, fermentación y resistencia a la colonización, con baja resiliencia del ecosistema.
	MUCUS INTESTINAL*	● Desfavorable	Predominio del consumo de mucinas frente a su producción y regulación, con menor protección del epitelio.
	PERMEABILIDAD INTESTINAL	● Desfavorable	El equilibrio funcional de mucus, epitelio y metabolismo del butirato sugiere menor capacidad de contención frente a antígenos y LPS y no constituye un diagnóstico directo de hiperpermeabilidad.
	EJE INFLAMACIÓN INTESTINAL Y SISTEMA INMUNE	● Desfavorable	Exceso relativo de funciones productoras de LPS/proinflamatorias y déficit de funciones antiinflamatorias, con posible repercusión sobre mucosa y activación inmune.
	INFECCIÓN	● Desfavorable	La detección de patógenos u oportunistas puede ser clínicamente relevante según especie, abundancia, factores de virulencia y síntomas.
	AMINAS BIÓGENAS	● Desfavorable	Mayor producción potencial de histamina, cadaverina o tiramina y/o menor degradación de histamina, habitualmente asociada a proteólisis y requiere correlación con síntomas.
	SCFA BENEFICIOSOS	● Desfavorable	Baja capacidad potencial para generar butirato, acetato y propionato, con menor soporte energético del colonocito y de la barrera.
	EQUILIBRIO DEL BUTIRATO	● Desfavorable	Desajuste importante entre producción y consumo de butirato, con menor disponibilidad potencial para el epitelio colónico.
	PRODUCCIÓN DE GASES	● Desfavorable	Desequilibrio de hidrógeno, metano y/o sulfuro de hidrógeno que puede asociarse a distensión, tránsito lento o irritación según el gas predominante.
	METABOLISMO SACAROLÍTICO	● Equilibrado	Producción y consumo de lactato y succinato mantienen un flujo metabólico equilibrado.
	METABOLISMO DE GRASAS	● Equilibrado	Transformación microbiana de ácidos biliares dentro de un equilibrio fisiológico.

	METABOLISMO DE PROTEÍNAS	● Desfavorable	Exceso potencial de amonio, p-cresol, cadaverina y otros metabolitos proteolíticos, con posible irritación de mucosa.
	ESPECIES PROBIÓTICAS	● Equilibrado	Presencia equilibrada de especies con funciones probióticas.
	MICOBOTA	● Ausencia	No se detecta una señal fúngica significativa y la ausencia en la muestra no excluye por completo colonización.
	PARÁSITOS	● Ausencia	No se detectan parásitos relevantes en esta muestra y no excluye infección si la eliminación es intermitente.
	METABOLISMO ESTRÓGENOS	● Desfavorable	Desequilibrio entre desconjugación, eliminación y transformación de estrógenos, con posible modificación de su recirculación enterohepática.
	VITAMINAS	● Desfavorable	Baja capacidad potencial para producir folatos, menaquinonas y/o compuestos relacionados con B12 y no permite inferir el estado sistémico.
	NEUROTRANSMISORES	● Equilibrado	Rutas neuroactivas microbianas dentro de un balance fisiológico.
	EJE INTESTINO-CEREBRO	● Equilibrado	Balance adecuado de barrera, inflamación y metabolitos derivados del triptófano.
	EJE INTESTINO-PIEL	● Equilibrado	Balance adecuado entre barrera, inmunidad y funciones protectoras de piel.
	EJE INTESTINO-CORAZÓN	● Equilibrado	Balance adecuado entre producción y consumo microbiano de TMA.
	EJE INTESTINO-HÍGADO	● Equilibrado	Balance adecuado de barrera, endotoxinas y metabolismo biliar.
	INTOLERANCIAS ALIMENTARIAS	● Equilibrado	Capacidad funcional compatible con tolerancia, sin excluir trastornos del huésped.

* El equilibrio funcional entre las bacterias que mantienen y las que degradan el mucus, junto con el balance entre productoras y consumidoras de butirato, constituye uno de los principales determinantes microbiológicos del mantenimiento de la barrera intestinal y del riesgo de aumento de la permeabilidad intestinal.

INTERPRETACIÓN DEL RESULTADO

● DESAVORABLE	Perfil microbiano alterado, asociado a una posible repercusión funcional y clínica desfavorable.
● LEVE DESFAVORABLE	Alteraciones leves respecto al rango de referencia, con posible repercusión funcional.
● EQUILIBRADO	Perfil microbiano dentro del rango de referencia, sin alteraciones funcionales relevantes.
● FAVORABLE	Perfil microbiano compatible con una contribución funcional beneficiosa.

¿CÓMO SE OBTIENE ESTA CLASIFICACIÓN?

La clasificación se obtiene comparando el perfil microbiano de cada dominio funcional con una cohorte de referencia de individuos sanos. El resultado refleja el estado global del dominio evaluado.

METABOLITOS MICROBIANOS

Los metabolitos microbianos son compuestos producidos por la microbiota intestinal durante su actividad metabólica. Estos metabolitos desempeñan un papel fundamental en la comunicación entre el intestino y otros órganos, participando en procesos como la regulación inmunitaria, la integridad de la barrera intestinal, el metabolismo y el eje intestino-cerebro. Su análisis permite comprender mejor el impacto funcional del microbioma sobre la salud.

En esta tabla se muestran únicamente los metabolitos con resultados desfavorables o levemente desfavorables. Los metabolitos dentro del equilibrio funcional no se incluyen

Metabolito	Estado	Bacterias*	Función afectada	Interpretación
Amonio / Amoniaco	Alto	<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	Productora de amonio	Mayor carga tóxica local, irritación de mucosa y posible sobrecarga detox.
Beta-glucuronidasa / Estroboloma	Alto	<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Ruminococcus</i> sp. <i>SR1/5</i> , <i>Blautia producta</i>	Productora de S-EQUOL	Mayor desconjugación y recirculación estrogénica; relevante en síntomas hormonales.
GABA	Alto	<i>Alistipes indistinctus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	Productora de GABA	Exceso no siempre es clínicamente útil; interpretar con microbiota y síntomas.
H ₂ S / Sulfuro de hidrógeno	Alto	<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	Productora de sulfuro de hidrógeno	Puede asociarse a gases sulfurados, irritación de mucosa, diarrea o inflamación contextual.
Hidrógeno	Alto	<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Bacteroides nordii</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	Productora de hidrógeno	Puede asociarse a distensión, gases y fermentación excesiva.
Histamina	Alto	<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	Productora de histamina	Puede contribuir a cefalea, urticaria, rinitis, diarrea, ansiedad o reactividad alimentaria.
LPS / Endotoxina	Alto	<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	Productora de lipopolisacáridos (LPS)	Mayor riesgo de inflamación de bajo grado, permeabilidad y activación inmune.
Succinato	Alto	<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Alistipes shahii</i>	Productoras de succinato	Se asocia a fermentación incompleta, posible inflamación y disbiosis gramnegativa contextual.
Butirato	Bajo	<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	Consumidora de butirato	Menor soporte de barrera, menor tono antiinflamatorio y mayor vulnerabilidad de mucosa.
Mucina / degradación de mucosa	Bajo	<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	Consumidora del mucus	Puede reflejar baja actividad mucolítica; valorar <i>Akkermansia</i> en contexto.

* La tabla recoge las bacterias relacionadas con cada función cuya abundancia está fuera de los rangos de referencia.

INTERPRETACIÓN DEL RESULTADO

● DESAVORABLE	Alteración relevante del metabolito respecto al perfil de referencia, con potencial repercusión sobre las funciones microbianas asociadas
● LEVE DESFAVORABLE	Alteración moderada del metabolito respecto al perfil de referencia, indicativa de un desequilibrio funcional de menor intensidad

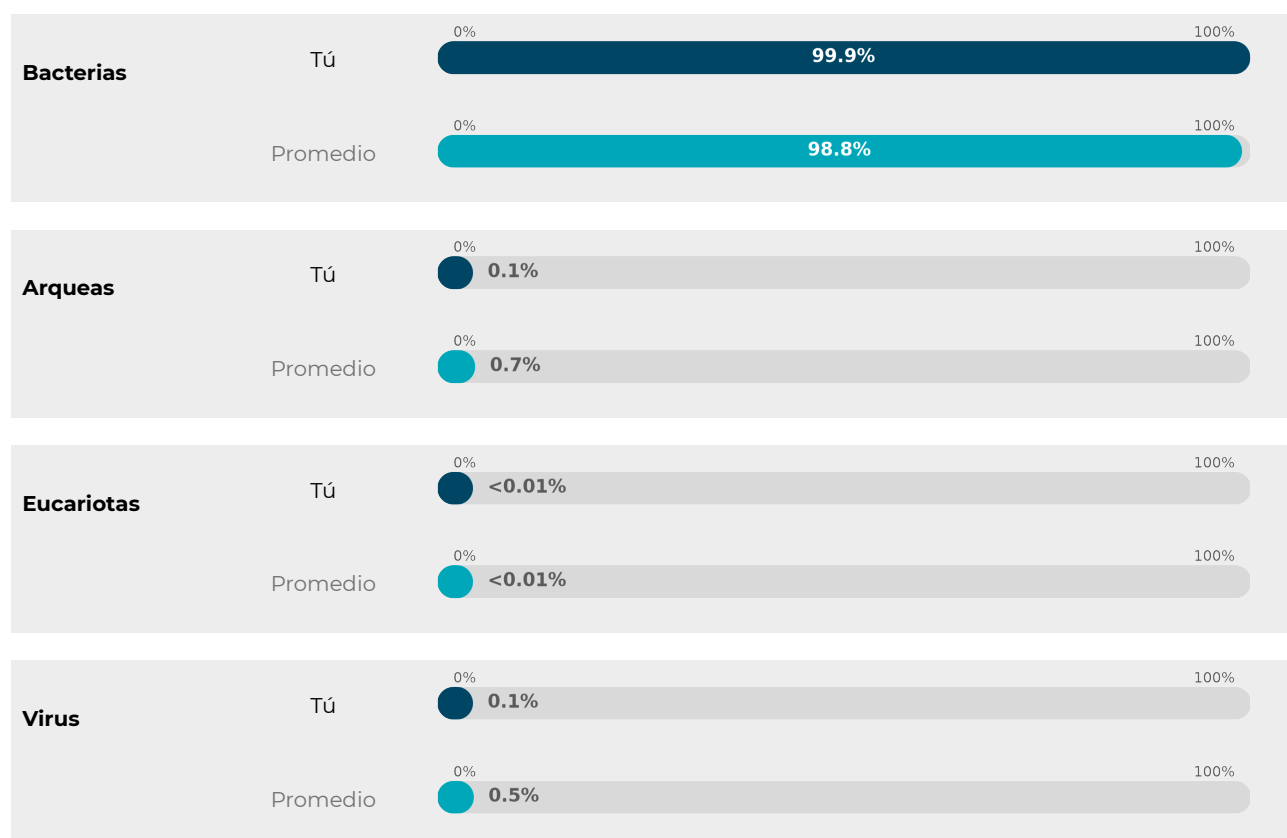
2. COMPOSICIÓN DE LA MUESTRA

Este apartado resume los principales indicadores de calidad y equilibrio de tu microbiota intestinal. A través de estos parámetros evaluamos la riqueza, 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	200-800	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

Top 20 especies por abundancia

A continuación se muestran las **20 especies con mayor abundancia relativa detectadas** en la muestra, junto con su clasificación taxonómica, su abundancia y el intervalo de referencia correspondiente.

Microorganismo	Dominio	Referencia (%)	Abundancia (%)
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	Bacteria	0.000 – 15.430	20.952
<i>Bacteroides salyersiae</i>	Bacteria	0.000 – 0.315	6.047
<i>Alistipes putredinis</i>	Bacteria	0.000 – 8.339	5.059
<i>Bacteroides ovatus</i>	Bacteria	0.000 – 2.012	4.097
<i>Bacteroides stercoris</i>	Bacteria	0.000 – 4.875	4.086
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	Bacteria	0.000 – 1.132	3.458
<i>Akkermansia muciniphila</i>	Bacteria	0.000 – 4.192	3.070
<i>Bacteroides uniformis</i>	Bacteria	0.011 – 14.355	3.042
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	Bacteria	0.000 – 0.613	2.829
<i>Alistipes shahii</i>	Bacteria	0.000 – 0.643	2.728
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	Bacteria	0.959 – 12.099	2.575
<i>Bilophila wadsworthia</i>	Bacteria	0.000 – 0.139	2.070
<i>Bacteroides caccae</i>	Bacteria	0.000 – 2.288	1.940
<i>Segatella copri</i>	Bacteria	0.000 – 35.000	1.913
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	Bacteria	0.000 – 1.014	1.761
<i>[Ruminococcus] lactaris</i>	Bacteria	0.000 – 1.243	1.731
<i>Parabacteroides distasonis</i>	Bacteria	0.000 – 2.902	1.688
<i>Phocaeicola dorei</i>	Bacteria	0.000 – 7.980	1.670
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	Bacteria	0.000 – 1.933	1.646
<i>Alistipes finegoldii</i>	Bacteria	0.000 – 1.732	1.530

BACTERIAS

En esta sección se presenta una **visión general de la composición bacteriana del microbioma intestinal**. Se incluyen las bacterias cuya abundancia se encuentra fuera del rango de referencia (elevadas o disminuidas), indicando para cada una de ellas su abundancia relativa, el intervalo de referencia y su posible relevancia funcional.

Bacterias elevadas

Se muestran las **especies cuya abundancia es superior al rango de referencia**. En función del contexto clínico, estas alteraciones pueden asociarse a cambios funcionales relevantes del ecosistema intestinal.

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

Bacterias disminuidas

Se muestran las **especies cuya abundancia es inferior al rango de referencia**. Su reducción puede indicar una menor representación de microorganismos.

Microorganismo	Referencia (%)	Abundancia (%)	Impacto funcional
<i>Bacteroides sp. ZJ-18</i>	8.0 – 45.0	0.002	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides sedimenti</i>	8.0 – 45.0	0.004	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	8.0 – 45.0	0.005	Productora de hidrógeno, Productores de BCFA
<i>Bacteroides maternus</i>	8.0 – 45.0	0.006	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides zooglyphiformans</i>	8.0 – 45.0	0.008	Productores de BCFA
<i>Bacteroides helcogenes</i>	8.0 – 45.0	0.01	Productora de hidrógeno, Productores de BCFA
<i>Bacteroides pyogenes</i>	8.0 – 45.0	0.016	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides mucinivorans</i>	8.0 – 45.0	0.017	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides sp. HF-162</i>	8.0 – 45.0	0.036	Sin categoría funcional descrita
<i>Bacteroides caecimuris</i>	8.0 – 45.0	0.04	Productora de hidrógeno, Productores de BCFA

HONGOS Y LEVADURAS

En esta sección se evalúa la **presencia de hongos y levaduras potencialmente relevantes** dentro del microbioma intestinal. Aunque forman parte del ecosistema microbiano en bajas abundancias, un crecimiento excesivo de determinadas especies puede asociarse a procesos de disbiosis y alteraciones de la salud intestinal.



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

Panel analizado	Resultado
48 especies	No detectadas

Géneros analizados:

Aspergillus spp., Blastomyces spp., Candida spp., Clavispora spp., Coccidioides spp., Cryptococcus spp., Debaryomyces spp., Fusarium spp., Galactomyces spp., Geotrichum spp., Histoplasma spp., Kluyveromyces spp., Malassezia spp., Meyerozyma spp., Mucor spp., Paracoccidioides spp., Penicillium spp., Pichia spp., Rhizopus spp., Rhodotorula spp., Saccharomyces spp., Trichosporon spp., Yarrowia spp.

Ver **ANEXO II** para el listado completo de especies analizadas.

PARÁSITOS

En esta sección se analiza la **presencia de parásitos intestinales de interés clínico** mediante técnicas de secuenciación metagenómica. La detección de estos microorganismos puede ser de utilidad en el estudio de procesos gastrointestinales y otras alteraciones asociadas.



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

Panel analizado	Resultado
33 especies	No detectadas

Géneros analizados:

Ancylostoma spp., Anisakis spp., Ascaris spp., Blastocystis spp., Chilomastix spp., Cryptosporidium spp., Cyclospora spp., Cystoisospora spp., Dientamoeba spp., Diphyllbothrium spp., Endolimax spp., Entamoeba spp., Enterobius spp., Fasciola spp., Giardia spp., Hymenolepis spp., Iodamoeba spp., Isospora spp., Microsporidia, Necator spp., Pentatrichomonas spp., Schistosoma spp., Strongyloides spp., Taenia spp., Toxoplasma spp., Trichuris spp., Trypanosoma spp.

Ver **ANEXO II** para el listado completo de especies analizadas.

VIRUS

En esta sección se presentan los **virus identificados en la muestra intestinal**. La mayor parte de los virus detectados corresponden al viroma intestinal, compuesto principalmente por bacteriófagos, microorganismos que infectan bacterias y desempeñan un papel importante en el equilibrio y la regulación de la microbiota.

Virus	Abundancia (%)
<i>uncultured phage cr23_1</i>	0.0204
<i>Faecalibacterium phage FP_Brigit</i>	0.0061
<i>Wujia chipingensis</i>	0.0031
<i>uncultured phage cr13_1</i>	0.002
<i>Klebsiella phage KP8</i>	0.0015
<i>Carjivirus communis</i>	0.0015
<i>Jahgtovirus gastrointestinalis</i>	0.0014

GENES DE RESISTENCIA

Estos genes constituyen el denominado resistoma intestinal, un conjunto de determinantes genéticos que pueden conferir resistencia a diferentes familias de antibióticos y cuya presencia refleja el potencial de resistencia del ecosistema microbiano.

La detección de estos genes no implica necesariamente que exista una infección ni que los microorganismos presentes sean resistentes desde un punto de vista clínico, sino que aporta información sobre el perfil genético de resistencia de la microbiota y debe interpretarse siempre en el contexto clínico y microbiológico del paciente.

Gen	Familia antibiótico	Portadora principal	Reads
tet_Q	TETRACYCLINE	Bacteroidota	261
mef_En2	MACROLIDE	Unclassified (no Kraken2)	157
aadE	AMINOGLYCOSIDE	Unclassified (no Kraken2)	82
Inu_AN2	LINCOSAMIDE	Bacteroidota	74
tet_32	TETRACYCLINE	Bacillota	70
catA13	PHENICOL	Unclassified (no Kraken2)	57

4. FUNCIONALIDAD

En este apartado se presentan las principales funciones evaluadas del microbioma intestinal. Para cada función se muestran los microorganismos desbalanceados, el sentido de la alteración respecto al rango de referencia y su posible repercusión funcional.

INTERPRETACIÓN DEL RESULTADO

DESFAVORABLE

↑ Elevado	Alteración por encima del rango de referencia con posible repercusión funcional desfavorable.
↓ Disminuido	Alteración por debajo del rango de referencia con posible repercusión funcional desfavorable.

LEVE DESFAVORABLE

↑ Elevado	Alteración leve por encima del rango de referencia con posible repercusión funcional desfavorable.
↓ Disminuido	Alteración leve por debajo del rango de referencia con posible repercusión funcional desfavorable.

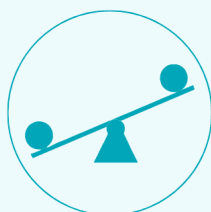
FAVORABLE

↑ Elevado	Alteración por encima del rango de referencia asociada a una repercusión funcional favorable.
↓ Disminuido	Alteración por debajo del rango de referencia asociada a una repercusión funcional favorable.

EQUILIBRADO

↔ Dentro del rango	Sin alteraciones fuera del rango de referencia.
---------------------------	---

NOTA: La presencia de bacterias desbalanceadas no implica necesariamente una alteración del estado global de la función.



HOMEOSTASIS INTESTINAL

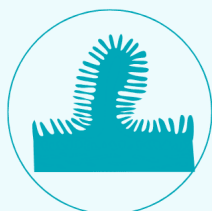
Evalúa la capacidad de la microbiota para mantener el equilibrio intestinal y proteger la integridad de la barrera epitelial.

» BARRERA INTESTINAL

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Blautia obeum</i> , <i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	↔	Refuerzan las uniones estrechas del epitelio intestinal; protegen frente a la entrada de antígenos al torrente sanguíneo.

» BACTERIAS BUCALES

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Streptococcus pasteurianus</i>	↑	Su presencia destacada sugiere translocación desde la boca; marca alteraciones de tránsito o salud oral.



MUCUS INTESTINAL

Evalúa la actividad de los microorganismos implicados en la conservación, estimulación y degradación de la capa de mucus intestinal.

»» CONSUMIDORA DEL MUCUS

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	↑	Degradan la capa de mucus protector; su exceso adelgaza la barrera y favorece hiperpermeabilidad intestinal.

»» REGULADORA DEL MUCUS

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Akkermansia muciniphila</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	↔	Mantienen el equilibrio entre producción y renovación del mucus; clave para una mucosa intestinal saludable.

»» ESTIMULADORA DEL MUCUS

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Butyricimonas virosa</i> , <i>Subdoligranulum variabile</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	↔	Refuerzan activamente la capa de mucus protector; su presencia se asocia a una mucosa intestinal más resiliente.



EJE INFLAMACIÓN INTESTINAL Y SISTEMA INMUNE

Evalúa la capacidad del microbioma para mantener un equilibrio adecuado entre la tolerancia inmunológica y la respuesta inflamatoria.

»» INMUNOMODULADORA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Parabacteroides johnsonii</i> , <i>Blautia pseudococcoides</i> , <i>Blautia sp. SC05B48</i>	↔	Educación al sistema inmune favoreciendo tolerancia (Tregs, IL-10); su déficit se asocia a respuestas inmunitarias desreguladas.

»» PRODUCTORA DE LIPOPOLISACÁRIDOS (LPS)

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	↑	Liberan endotoxina LPS; su exceso puede atravesar la barrera intestinal y desencadenar inflamación sistémica.

»» PROINFLAMATORIA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Bacteroides ovatus</i>	↑	Activan vías inflamatorias (TNF- α , IL-6); su sobre-representación se asocia a inflamación intestinal de bajo grado.

»» ANTIINFLAMATORIA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Faecalibacterium taiwanense</i> , <i>Faecalibacterium duncaniae</i>	↔	Frenan la activación inflamatoria local; un déficit deja al ecosistema sin contrapeso al perfil proinflamatorio.

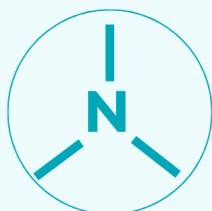


INFECCIÓN

Evalúa la presencia de microorganismos con potencial patógeno u oportunista que pueden alterar el equilibrio del ecosistema intestinal.

»» PATÓGENOS

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Clostridium perfringens</i> , <i>Enterocloster clostridioformis</i>	↑	Patógenos potenciales; en niveles relevantes pueden causar infección sintomática o ser cofactores de inflamación crónica.



AMINAS BIÓGENAS

Evalúa el potencial microbiano para producir o degradar aminas biógenas, como la histamina, derivadas del metabolismo de aminoácidos.

»» PRODUCTORA DE ESPERMIDINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides ovatus</i>	↔	Producen espermidina, poliamina con efecto autófago, antienvjecimiento y mejorador de la barrera intestinal.

»» CONSUMIDORA DE HISTAMINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Bacteroides fragilis</i> , <i>Bifidobacterium longum</i>	↔	Degradan la histamina liberada en el intestino; protegen frente a síntomas de intolerancia o sensibilidad.

»» PRODUCTORA DE HISTAMINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<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

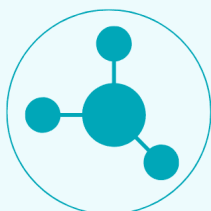
Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i>	↑	Producen cadaverina, una amina biógena marcadora de putrefacción proteica intestinal.

»» PRODUCTORA DE PUTRESCINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Escherichia coli</i>	↑	Generan putrescina; en exceso indica fermentación proteica desbordada y estrés sobre la mucosa.

»» PRODUCTORA DE TIRAMINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Enterococcus faecalis</i>	↔	Producen tiramina; en exceso puede causar crisis hipertensivas (interacción IMAO) y migraña en sujetos sensibles.



SCFA BENEFICIOSOS

Evalúa el potencial de la microbiota para producir ácidos grasos de cadena corta beneficiosos, principalmente acetato, propionato y butirato.

»» PRODUCTORA DE FORMATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Blautia luti</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	↑	Producen formato como subproducto fermentativo; sustrato para metanógenos y acetógenos vía Wood-Ljungdahl.

»» PRODUCTORA DE BUTIRATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes shahii</i> , <i>Butyricimonas virosa</i> , [<i>Clostridium</i>] <i>symbiosum</i>	↔	Producen butirato, principal fuente de energía del colonocito; refuerza la barrera intestinal y modula la inflamación local.

»» PRODUCTORA DE ACETATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Alistipes indistinctus</i>	↔	Aportan acetato, sustrato cruzado para productores de butirato y modulador del metabolismo lipídico.

»» PRODUCTORA DE PROPIONATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Phascolarctobacterium faecium</i> , <i>Paraprevotella clara</i>	↔	Generan propionato, ácido graso de cadena corta con efecto saciante, regulador de glucosa y antiinflamatorio sistémico.

»» CONSUMIDORA DE ACETATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Anaerostipes caccae</i> , <i>Blautia hydrogenotrophica</i>	↔	Reciclan acetato hacia butirato, optimizando el aprovechamiento energético del ecosistema intestinal.

»» CONSUMIDORA DE BUTIRATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	↑	Reducen la disponibilidad de butirato; un exceso compromete la energía colónica y el mantenimiento de la barrera.

»» CONSUMIDORA DE FORMATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Anaerobutyricum hallii</i> , <i>Methanobrevibacter smithii</i> , <i>Anaerostipes hadrus</i>	↔	Reciclan formato evitando su acumulación; participan en la regulación del H ₂ intestinal y los gases asociados.



EQUILIBRIO DEL BUTIRATO

Evalúa la capacidad del microbioma para producir butirato, un ácido graso de cadena corta esencial para mantener la integridad de la barrera intestinal, modular la inflamación y aportar energía a los colonocitos.

»» PRODUCTORA DE BUTIRATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes shahii</i> , <i>Butyricimonas virosa</i> , [<i>Clostridium</i>] <i>symbiosum</i>	↔	Producen butirato, principal fuente de energía del colonocito; refuerza la barrera intestinal y modula la inflamación local.

»» CONSUMIDORA DE BUTIRATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	↑	Reducen la disponibilidad de butirato; un exceso compromete la energía colónica y el mantenimiento de la barrera.



PRODUCCIÓN DE GASES

Evalúa las rutas microbianas relacionadas con la producción y el consumo de gases durante la fermentación intestinal.

»» PRODUCTORA DE HIDRÓGENO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Bacteroides nordii</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

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	↑	Producen H ₂ S, gas genotóxico que daña el ADN colonocitario y favorece inflamación cuando está elevado.

»» PRODUCTORA DE METANO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	↔	Producen metano consumiendo H ₂ ; el exceso se asocia a tránsito intestinal lento y estreñimiento.



METABOLISMO SACAROLÍTICO

Evalúa la capacidad de la microbiota para fermentar carbohidratos y fibras, generando metabolitos que influyen en el entorno intestinal.

»» PRODUCTORAS DE SUCCINATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Alistipes shahii</i>	↔	Generan succinato, intermediario metabólico; un exceso puede irritar la mucosa si no es consumido a tiempo.

»» CONSUMIDORAS DE SUCCINATO

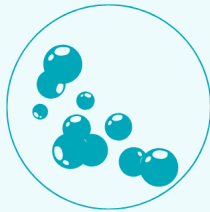
Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	↔	Reciclan succinato a propionato, evitando acumulaciones que podrían favorecer disconfort intestinal.

»» PRODUCTORA DE LACTATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterocloster asparagiformis</i>	↔	Producen lactato como sustrato para otras bacterias beneficiosas; en equilibrio favorece la fermentación sacárida.

»» CONSUMIDORA DE LACTATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Anaerostipes caccae</i>	↔	Evitan acumulación de lactato y lo redirigen a SCFA beneficiosos; clave para un metabolismo cruzado eficiente.

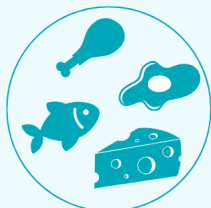


METABOLISMO DE GRASAS

Evalúa la participación de la microbiota en la transformación de grasas y ácidos biliares dentro del entorno intestinal.

»» METABOLIZADORA DE ÁCIDOS BILIARES

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bilophila wadsworthia</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , [<i>Clostridium</i>] <i>scindens</i>	↔	Modifican ácidos biliares; un desequilibrio puede afectar absorción de grasas y producir ácidos biliares secundarios proinflamatorios.



METABOLISMO DE PROTEÍNAS

Evalúa la capacidad microbiana para metabolizar proteínas y aminoácidos y generar distintos productos de fermentación.

»» PROTEOLÍTICAS

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Alistipes shahii</i> , <i>Enterococcus faecium</i>	↑	Fermentan proteínas no digeridas generando metabolitos tóxicos (amoníaco, fenoles); un exceso irrita la mucosa.

»» PRODUCTORA DE AMONIO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	↑	Liberan amoníaco que irrita la mucosa y sobrecarga el hígado en su detoxificación; su exceso es proinflamatorio.

»» PRODUCTORES DE BCFA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Parabacteroides goldsteinii</i> , <i>Bacteroides nordii</i>	↑	Generan ácidos grasos de cadena ramificada, marcadores de putrefacción intestinal y fermentación proteica excesiva.

»» PRODUCCIÓN DE P-CRESOL

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	↔	Producen p-cresol, una toxina urémica asociada a estrés oxidativo y deterioro de la función renal.



PROBIÓTICOS

Evalúa la presencia de microorganismos asociados al equilibrio de la microbiota, la función de barrera y la modulación del entorno intestinal.

»» OTRAS ESPECIES PROBIÓTICAS

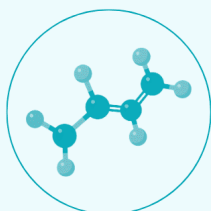
Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	↔	Probióticos endógenos (<i>Akkermansia</i> , <i>F. prausnitzii</i>); marcadores de un ecosistema intestinal saludable y resiliente.

»» BIFIDOBACTERIUM SPP

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bifidobacterium adolescentis</i> , <i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	↔	Probióticos clave: producen lactato y acetato, modulan inmunidad y favorecen la maduración de la mucosa intestinal.

»» LACTOBACILLUS SPP

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
No se han detectado bacterias asociadas	↔	Probióticos lácticos clásicos; refuerzan barrera, inhiben patógenos y modulan respuesta inmune.



METABOLISMO DE ESTRÓGENOS

Evalúa el potencial de la microbiota para transformar estrógenos y participar en su circulación y disponibilidad en el organismo.

»» FORMADORA DEL ESTROBOLOMA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides xylanisolvens</i>	↔	Reciclan estrógenos vía β -glucuronidasa; su balance influye en salud hormonal, mamaria y endometrial.

»» PRODUCTORA DE S-EQUOL

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Ruminococcus</i> sp. SR1/5, <i>Blautia producta</i>	↑	Convierten isoflavonas (soja) en S-equol, fitoestrógeno con efecto protector cardiovascular y óseo.

»» CONSUMIDORA DE S-EQUOL

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	↑	Degradan S-equol; un exceso reduce la disponibilidad de este metabolito beneficioso.



VITAMINAS

Evalúa el potencial de la microbiota para participar en la síntesis, transformación y aprovechamiento de determinadas vitaminas.

»» PRODUCTORA DE VITAMINA K2

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Blautia hydrogenotrophica</i>	↑	Sintetizan menaquinonas (K2), implicadas en coagulación, salud ósea y deposición correcta de calcio.

»» PRODUCTORA DE VITAMINA B12

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Collinsella aerofaciens</i>	↔	Producen vitamina B12, clave para la función nerviosa y hematopoyesis; el aporte intestinal complementa el dietético.

»» PRODUCTORA DE VITAMINA B9

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bifidobacterium adolescentis</i> , <i>Streptococcus thermophilus</i>	↔	Sintetizan folato (B9), esencial para metilación, síntesis de ADN y maduración eritrocitaria.



NEUROTRANSMISORES

Evalúa la capacidad funcional de la microbiota para producir, consumir y modular neurotransmisores y otros compuestos neuroactivos implicados en la comunicación entre el intestino y el sistema nervioso.

»» PRODUCTORA DE GABA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Alistipes indistinctus</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Phocaeicola vulgatus</i>	↔	Sintetizan GABA, neurotransmisor inhibitorio que modula el eje intestino-cerebro y favorece la regulación del estrés.

»» PRODUCTORA DE GLUTAMATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	↔	Liberan glutamato libre, neurotransmisor excitador y precursor de GABA; su balance es clave en el eje intestino-cerebro.

»» REGULACIÓN DE SEROTONINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Enterococcus faecalis</i>	↔	Modulan la producción intestinal de serotonina (90 % del total corporal); influyen en el ánimo y la motilidad.

»» PRODUCTORA DE DOPAMINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Hafnia paralvei</i>	↔	Producen dopamina periférica que participa en el eje intestino-cerebro y la regulación del estado de ánimo.

»» PRODUCTORA DE ACETILCOLINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Streptococcus thermophilus</i> , <i>Streptococcus salivarius</i>	↔	Sintetizan acetilcolina, neurotransmisor implicado en la motilidad intestinal y la modulación inflamatoria vía vago.

»» CONSUMIDORA DE GABA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
No se han detectado bacterias asociadas	↔	Degradan GABA local; su sobrerrepresentación reduce la disponibilidad de este neurotransmisor calmante.



EJE INTESTINO-CEREBRO

Analiza las funciones microbianas relacionadas con la comunicación bidireccional entre el intestino y el cerebro, implicadas en la regulación del estado de ánimo, la respuesta al estrés y la función cognitiva.

»» PRODUCTORA DE INDOL

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides salyersiae</i> , <i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Alistipes shahii</i>	↔	Producen indol y derivados ligandos del receptor AhR; refuerzan la barrera intestinal y la inmunidad de mucosas.

»» PRODUCTORA DE QUINOLINATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>[Clostridium] symbiosum</i> , <i>[Clostridium] scindens</i> , <i>Ruminococcus albus</i>	↔	Producen quinolinato vía kinurenina; en exceso puede tener efecto excitotóxico sobre el sistema nervioso.

»» PRODUCTORA DE IPA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>[Clostridium] symbiosum</i> , <i>[Clostridium] scindens</i> , <i>Clostridium perfringens</i>	↔	Sintetizan indol-3-propiónico, antioxidante y neuroprotector que cruza la barrera hematoencefálica.

»» PRODUCTORES DE IMIDAZOL PROPIONATO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i> , <i>Eggerthella lenta</i>	↔	Producen imidazol-propionato (ImP) a partir de histidina; ImP elevado se asocia a resistencia a la insulina y diabetes tipo 2.

»» REGULADORAS DE LA SÍNTESIS DE QUINURENINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
No se han detectado bacterias asociadas	↔	Regulan el balance kinurenina/triptófano, clave para el equilibrio entre serotonina y vías inflamatorias.



EJE INTESTINO-PIEL

Analiza las funciones microbianas que pueden influir en el eje intestino-piel, participando en procesos relacionados con la inflamación sistémica, la respuesta inmunitaria y el mantenimiento de la salud cutánea.

»» PIEL PROTECTOR

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Paraprevotella clara</i>	↔	Su presencia fortalece el eje intestino-piel; se asocia a mejor hidratación cutánea y menor inflamación dermatológica.

»» PIEL DISRUPTOR

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Enterococcus faecalis</i>	↔	Su sobreabundancia se ha asociado a brotes de acné, dermatitis atópica y otras alteraciones cutáneas inflamatorias.



EJE INTESTINO-CORAZÓN

Analiza las funciones microbianas relacionadas con la producción de metabolitos que pueden influir sobre la salud cardiovascular, el metabolismo lipídico y la función vascular.

»» PRODUCTORA DE TRIMETILAMINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Paraprevotella xylaniphila</i> , <i>Paraprevotella clara</i>	↔	Producen TMA a partir de colina/carnitina; el hígado lo convierte en TMAO, marcador de riesgo cardiovascular.

»» CONSUMIDORA DE TRIMETILAMINA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	↔	Reducen la carga de TMA antes de que llegue al hígado; protegen el perfil cardiovascular.



EJE INTESTINO-HÍGADO

Evalúa las funciones del microbioma implicadas en el metabolismo de ácidos biliares, la detoxificación y la comunicación funcional entre el intestino y el hígado.

»» PRODUCTORA DE ETANOL

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>[Clostridium] scindens</i>	↔	Generan endo-etanol que sobrecarga el hígado; su exceso se asocia a hígado graso no alcohólico (NAFLD).



INTOLERANCIAS

Analiza las funciones microbianas relacionadas con la degradación y el metabolismo de distintos compuestos alimentarios, cuya alteración puede favorecer procesos de intolerancia o una menor tolerancia digestiva.

»» METABOLIZADORAS DE LA LACTOSA

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bifidobacterium adolescentis</i>	↔	Hidrolizan lactosa intestinal; una buena representación indica buena tolerancia digestiva a productos lácteos.

»» SENSIBILIDAD AL TRIGO

Top bacterias desbalanceadas	Estado	Impacto funcional
<i>Eubacterium ramulus</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Rothia mucilaginosa</i>	↔	Su presencia se asocia a mejor digestión de gluten y menor sintomatología en sujetos sensibles no celíacos (NCGS).

5. RECOMENDACIONES GENERALES

Las siguientes **recomendaciones se han elaborado a partir de los dominios funcionales que presentan alteraciones** en la muestra analizada. Su objetivo es favorecer el restablecimiento del equilibrio del microbioma intestinal mediante intervenciones nutricionales, hábitos de vida y estrategias de soporte.

NOTA: Las recomendaciones propuestas constituyen sugerencias basadas en el perfil microbiológico observado y deben individualizarse según la situación clínica, la evolución del paciente y el criterio del profesional sanitario.



DIVERSIDAD GLOBAL

Antes de aumentar la ingesta de fibra es conveniente valorar la composición de la microbiota, la presencia de gases, el patrón del tránsito intestinal y la sintomatología digestiva. Además, se aconseja evitar un consumo excesivo de polioles o prebióticos concentrados y considerar la evaluación de un posible sobrecrecimiento bacteriano únicamente cuando la clínica lo justifique, evitando cualquier tratamiento basado exclusivamente en una diversidad elevada.



HOMEOSTASIS INTESTINAL

Bacterias bucales



Alimentos

Priorizar de forma activa: Frutas y verduras ricas en polifenoles, frutos rojos, granada, té verde, cacao puro, aceite de oliva virgen extra, pescado azul y alimentos ricos en vitamina C y zinc y favorecer una masticación adecuada.



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: Pectina, PHGG, beta-glucanos y polifenoles y ajustar la fibra al tránsito y tolerancia.



Probióticos

Valorar *Streptococcus salivarius* o *Lactobacillus reuteri*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Valorar probióticos orales con *Streptococcus salivarius* o *Lactobacillus reuteri*, y probióticos intestinales según el perfil y zinc y vitamina D únicamente si existe déficit.



MUCUS INTESTINAL

Consumidora del mucus



Alimentos

Priorizar de forma activa: Verduras cocidas, mucílagos: chía/lino hidratados, okra, avena, calabaza, zanahoria, pescado azul, aceite de oliva y frutos rojos



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, fibra de acacia, beta-glucanos y mucílagos



Probióticos

Valorar *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactiplantibacillus plantarum*, *Bifidobacterium longum* o *Akkermansia muciniphila*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Zinc-carnosina, l-glutamina, vitamina A/D si déficit y omega-3



PERMEABILIDAD INTESTINAL

Se aconseja reforzar la función de barrera intestinal mediante un aumento progresivo de fibra soluble y almidón resistente, acompañado de verduras, frutas, legumbres bien toleradas, aceite de oliva y fuentes dietéticas de omega-3. Además, es recomendable eliminar el consumo de alcohol y alimentos ultraprocesados, revisar junto al médico el uso de AINE, inhibidores de la bomba de protones y la presencia de estreñimiento, y valorar suplementos como zinc, vitamina D o L-glutamina únicamente cuando exista una indicación clínica, evitando la suplementación sistemática con butirato.



EJE INFLAMACIÓN INTESTINAL Y SISTEMA INMUNE

Productora de lipopolisacáridos (LPS)



Alimentos

Priorizar de forma activa: Aumentar verduras, avena, legumbres toleradas, manzana, pera, frutos rojos, granada, cacao puro, aceite de oliva virgen extra y pescado azul y reducir ultraprocesados, alcohol, azúcares libres y exceso de grasas saturadas.



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos y fibra de acacia, polifenoles y almidón resistente de forma gradual.



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactiplantibacillus plantarum*., seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Valorar omega-3, vitamina D si existe déficit, zinc-carnosina, L-glutamina y probióticos con *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactobacillus plantarum*.

Proinflamatoria



Alimentos

Priorizar de forma activa: Dieta mediterránea antiinflamatoria: verduras cocinadas y crudas según tolerancia, frutos rojos, granada, aceite de oliva virgen extra, pescado azul, nueces, lino y chía y reducir ultraprocesados, alcohol, azúcares libres y grasas trans.



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina y beta-glucanos, polifenoles prebióticos y gOS o inulina/FOS solo si no aumentan gases o dolor.



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactiplantibacillus plantarum*., seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Valorar omega-3, vitamina D si existe déficit, curcumina, zinc-carnosina y probióticos con *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactobacillus plantarum*.



INFECCIÓN

Patógenos



Alimentos

Priorizar de forma activa: Dieta mediterránea sencilla y bien tolerada, verduras cocinadas, arroz, patata o boniato, fruta entera, aceite de oliva virgen extra, pescado y proteínas magras y reducir azúcares libres, alcohol, ultraprocesados y alimentos de riesgo higiénico.



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG o pectina como primera opción si existe tolerancia, beta-glucanos y fibra de acacia. Evitar iniciar inulina/FOS si hay diarrea intensa, distensión marcada o sospecha de sobrecrecimiento.



Probióticos

Valorar *Saccharomyces boulardii*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactiplantibacillus plantarum* o *Bifidobacterium lactis*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Valorar *Saccharomyces boulardii*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactobacillus plantarum* o *Bifidobacterium lactis* según microorganismo, síntomas y situación clínica y zinc-carnosina, vitamina D si existe déficit y omega-3. No sustituye el tratamiento médico cuando esté indicado.



AMINAS BIÓGENAS

Productora de histamina



Alimentos

Priorizar de forma activa: Alimentos frescos: arroz, patata, pollo/pavo fresco, pescado muy fresco/congelado, calabacín, zanahoria, pepino, manzana, pera, arándanos, aceite de oliva



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, fibra de acacia y evitar fermentados/prebióticos agresivos al inicio



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: DAO si procede, vitamina C, quercetina, b6, probióticos no histaminógenos y omega-3

Productora de cadaverina



Alimentos

Priorizar de forma activa: Dieta mediterránea antiinflamatoria, verduras cocidas, frutas bajas en carga fermentativa según tolerancia, aceite de oliva virgen extra, pescado azul, huevos si tolera, proteínas magras moderadas, tubérculos, arroz, quinoa, polifenoles: frutos rojos, granada, cacao puro, té verde, hierbas aromáticas, caldos suaves y semillas molidas si tolera



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acacia, almidón resistente con cautela, gOS/inulina solo si no hay gas/SIBO, polifenoles, mucílagos y prebiótico siempre gradual



Probióticos

Valorar *Saccharomyces boulardii*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Omega-3, polifenoles, curcumina, zinc-carnosina, l-glutamina, *saccharomyces boulardii* si procede, probióticos moduladores no histaminógenos, soporte digestivo individualizado y evitar megadosis

Productora de putrescina



Alimentos

Priorizar de forma activa: Dieta mediterránea antiinflamatoria, verduras cocidas, frutas bajas en carga fermentativa según tolerancia, aceite de oliva virgen extra, pescado azul, huevos si tolera, proteínas magras moderadas, tubérculos, arroz, quinoa, polifenoles: frutos rojos, granada, cacao puro, té verde, hierbas aromáticas, caldos suaves y semillas molidas si tolera



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acacia, almidón resistente con cautela, gOS/inulina solo si no hay gas/SIBO, polifenoles, mucílagos y prebiótico siempre gradual



Probióticos

Valorar *Saccharomyces boulardii*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Omega-3, polifenoles, curcumina, zinc-carnosina, l-glutamina, *saccharomyces boulardii* si procede, probióticos moduladores no histaminógenos, soporte digestivo individualizado y evitar megadosis



SCFA BENEFICIOSOS

Productora de formato



Alimentos

Priorizar de forma activa: Dieta mediterránea personalizada, verduras cocidas, fibra soluble, polifenoles, proteína moderada, carbohidrato complejo tolerado y aceite de oliva



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acacia y elegir según tolerancia



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Probióticos/suplementos solo según eje, omega-3 y polifenoles

Consumidora de butirato



Alimentos

Priorizar de forma activa: Priorizar alimentos que favorezcan una producción sostenida y equilibrada de butirato: avena, legumbres toleradas, tubérculos o arroz enfriados, verduras variadas, frutos rojos, aceite de oliva virgen extra y frutos secos.



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos y almidón resistente en introducción progresiva y ajustar según gases y tránsito.



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactobacillus plantarum* para mejorar el equilibrio fermentativo y omega-3, vitamina D si existe déficit y soporte de mucosa cuando esté clínicamente indicado.



EQUILIBRIO DEL BUTIRATO

Consumidora de butirato



Alimentos

Priorizar de forma activa: Priorizar alimentos que favorezcan una producción sostenida y equilibrada de butirato: avena, legumbres toleradas, tubérculos o arroz enfriados, verduras variadas, frutos rojos, aceite de oliva virgen extra y frutos secos.



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos y almidón resistente en introducción progresiva y ajustar según gases y tránsito.



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium breve* o *Lactobacillus plantarum* para mejorar el equilibrio fermentativo y omega-3, vitamina D si existe déficit y soporte de mucosa cuando esté clínicamente indicado.



PRODUCCIÓN DE GASES

Productora de hidrógeno



Alimentos

Priorizar de forma activa: Dieta mediterránea personalizada, verduras cocidas, fibra soluble, polifenoles, proteína moderada, carbohidrato complejo tolerado y aceite de oliva



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acacia y elegir según tolerancia



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Probióticos/suplementos solo según eje, omega-3 y polifenoles

Productora de sulfuro de hidrógeno



Alimentos

Priorizar de forma activa: Arroz, patata, calabaza, zanahoria, pepino, calabacín, aceite de oliva, frutos rojos, granada y proteínas moderadas y repartidas



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos y fibra suave



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Molibdeno bajo criterio, zinc-carnosina, omega-3 y carbón/adsorbentes solo supervisado



METABOLISMO DE PROTEÍNAS

Proteolíticas



Alimentos

Priorizar de forma activa: Verduras cocidas, carbohidrato complejo tolerado, arroz/patata, avena, frutas cocidas, aceite de oliva, legumbres pequeñas dosis si tolera y pescado en raciones moderadas



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, almidón resistente suave y beta-glucanos



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: polifenoles, omega-3 y enzimas digestivas si mala digestión proteica

Productora de amonio



Alimentos

Priorizar de forma activa: Carbohidrato complejo tolerado, verduras cocidas, frutas, fibra soluble, aceite de oliva y proteína moderada



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos y almidón resistente suave



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Ornitina/aspartato solo criterio médico, zinc y polifenoles

Productores de BCFA



Alimentos

Priorizar de forma activa: Verduras cocidas, tubérculos, arroz, avena, fruta cocida, aceite de oliva y proteína más vegetal o pescado moderado



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina y almidón resistente suave



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: polifenoles, omega-3 y soporte digestivo



METABOLISMO ESTRÓGENOS

Productora de S-EQUOL



Alimentos

Priorizar de forma activa: Soja fermentada/no fermentada según tolerancia: tempeh, tofu, edamame, legumbres, lino, sésamo, fibra, verduras y frutas polifenólicas



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: GOS, inulina si tolera, pHGG, pectina y polifenoles



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* o *Lactiplantibacillus plantarum*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Isoflavonas solo bajo criterio y omega-3

Consumidora de S-EQUOL



Alimentos

Priorizar de forma activa: Dieta mediterránea antiinflamatoria, verduras cocidas, frutas bajas en carga fermentativa según tolerancia, aceite de oliva virgen extra, pescado azul, huevos si tolera, proteínas magras moderadas, tubérculos, arroz, quinoa, polifenoles: frutos rojos, granada, cacao puro, té verde, hierbas aromáticas, caldos suaves y semillas molidas si tolera



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: PHGG, pectina, beta-glucanos, fibra de acacia, almidón resistente con cautela, gOS/inulina solo si no hay gas/SIBO, polifenoles, mucílagos y prebiótico siempre gradual



Probióticos

Valorar *Saccharomyces boulardii*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Omega-3, polifenoles, curcumina, zinc-carnosina, l-glutamina, *saccharomyces boulardii* si procede, probióticos moduladores no histaminógenos, soporte digestivo individualizado y evitar megadosis



VITAMINAS

Productora de vitamina K2



Alimentos

Priorizar de forma activa: Avena, cebada, arroz/patata enfriados, plátano verde, legumbres según tolerancia, alcachofa, espárrago, puerro, cebolla, ajo suave, zanahoria cocida, calabaza, manzana/pera cocida, frutos rojos, granada, cítricos, cacao puro, aceite de oliva virgen extra, nueces, almendras, semillas de lino/chía, yogur/kéfir si tolera y verduras variadas de temporada



Prebióticos

Intervención prioritaria y progresiva: Inulina/FOS si tolera, gOS, almidón resistente, pHGG, pectina, beta-glucanos, arabinoxilanos, fibra de acacia, polifenoles prebióticos, lactoferrina en eje *Lactobacillus* y ácido clorogénico cuando aplique



Probióticos

Valorar *Bifidobacterium longum* o *Bifidobacterium animalis subsp. lactis*, seleccionando las especies según los síntomas, el eje alterado y el objetivo clínico.



Suplementos

Valorar de forma individualizada: Probióticos dirigidos según eje: *Bifidobacterium/Lactobacillus*, omega-3, vitamina D si déficit, zinc-carnosina, l-glutamina, magnesio, polifenoles, mucílagos y multicepa solo si tolera

ANEXO I: MICROORGANISMOS DETECTADOS

En este anexo se presenta el listado de **bacterias, arqueas y eucariotas** detectadas e incluidas en el análisis general del microbioma intestinal. Este listado no incluye los microorganismos evaluados mediante paneles específicos de virus, hongos, levaduras y parásitos, cuyos resultados se presentan de forma independiente.

Microorganismo	Dominio	Ref. mín. (%)	Ref. máx. (%)	Abundancia (%)
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	Bacteria	0.000	15.430	20.952
<i>Bacteroides salyersiae</i>	Bacteria	0.000	0.315	6.047
<i>Alistipes putredinis</i>	Bacteria	0.000	8.339	5.059
<i>Bacteroides ovatus</i>	Bacteria	0.000	2.012	4.097
<i>Bacteroides stercoris</i>	Bacteria	0.000	4.875	4.086
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	Bacteria	0.000	1.132	3.458
<i>Akkermansia muciniphila</i>	Bacteria	0.000	4.192	3.070
<i>Bacteroides uniformis</i>	Bacteria	0.011	14.355	3.042
<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	Bacteria	0.000	0.613	2.829
<i>Alistipes shahii</i>	Bacteria	0.000	0.643	2.728
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	Bacteria	0.959	12.099	2.575
<i>Bilophila wadsworthia</i>	Bacteria	0.000	0.139	2.070
<i>Bacteroides caccae</i>	Bacteria	0.000	2.288	1.940
<i>Segatella copri</i>	Bacteria	0.000	35.000	1.913
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	Bacteria	0.000	1.014	1.761
<i>[Ruminococcus] lactaris</i>	Bacteria	0.000	1.243	1.731
<i>Parabacteroides distasonis</i>	Bacteria	0.000	2.902	1.688
<i>Phocaeicola dorei</i>	Bacteria	0.000	7.980	1.670
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	Bacteria	0.000	1.933	1.646
<i>Alistipes finegoldii</i>	Bacteria	0.000	1.732	1.530
<i>Parabacteroides merdae</i>	Bacteria	0.000	2.217	1.224
<i>Paraprevotella xylaniphila</i>	Bacteria	0.000	0.472	1.161
<i>Simiaoa sunii</i>	Bacteria	-	-	1.023
<i>uncultured Alistipes sp.</i>	Bacteria	-	-	0.994
<i>Ruminococcus bicirculans</i> (ex Wegman et al. 2014)	Bacteria	0.100	8.000	0.945
<i>Alistipes communis</i>	Bacteria	0.500	12.000	0.903
<i>Escherichia coli</i>	Bacteria	0.000	1.743	0.826
<i>Alistipes onderdonkii</i>	Bacteria	0.000	0.010	0.755
<i>[Ruminococcus] torques</i>	Bacteria	0.000	2.632	0.712
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	Bacteria	0.050	3.500	0.691
<i>Butyricimonas virosa</i>	Bacteria	0.000	0.210	0.690
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	Bacteria	0.000	0.043	0.621
<i>Blautia obeum</i>	Bacteria	0.000	1.685	0.620
<i>Bacteroides fragilis</i>	Bacteria	0.000	1.152	0.554
<i>Alistipes dispar</i>	Bacteria	0.500	12.000	0.521
<i>Vescimonas coprocola</i>	Bacteria	-	-	0.440
<i>Alistipes indistinctus</i>	Bacteria	0.000	0.201	0.434
<i>Dorea longicatena</i>	Bacteria	0.000	3.152	0.424
<i>Dysosmobacter welbionis</i>	Bacteria	-	-	0.370
<i>Blautia wexlerae</i>	Bacteria	0.001	1.180	0.370

<i>Lachnospira eligens</i>	Bacteria	0.000	3.814	0.327
<i>Collinsella aerofaciens</i>	Bacteria	0.000	6.241	0.325
<i>Parabacteroides goldsteinii</i>	Bacteria	0.000	0.085	0.293
<i>Eubacterium ramulus</i>	Bacteria	0.000	0.360	0.277
<i>Barnesiella intestinihominis</i>	Bacteria	0.000	2.650	0.255
<i>Sutterella wadsworthensis</i>	Bacteria	-	-	0.250
<i>Eubacterium ventriosum</i>	Bacteria	0.000	0.410	0.246
<i>Alloprococcus comes</i>	Bacteria	-	-	0.245
<i>Vescimonas fastidiosa</i>	Bacteria	-	-	0.244
<i>Flavonifractor plautii</i>	Bacteria	0.000	0.504	0.204
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.203
<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.186
<i>Alistipes senegalensis</i>	Bacteria	0.500	12.000	0.186
<i>Faecalibacterium</i> sp. 14-1-79	Bacteria	1.000	18.000	0.182
<i>Bacteroides nordii</i>	Bacteria	0.000	0.005	0.182
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	Bacteria	0.000	0.067	0.177
<i>Faecalibacillus intestinalis</i>	Bacteria	-	-	0.177
<i>Butyricimonas faecihominis</i>	Bacteria	-	-	0.176
<i>Bacteroides zhangwenhongii</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.175
<i>Bacteroides</i> sp. M10	Bacteria	8.000	45.000	0.173
<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	Bacteria	0.000	0.439	0.172
<i>Mediterraneibacter faecis</i>	Bacteria	0.050	3.500	0.169
<i>Alistipes</i> sp. dk3624	Bacteria	0.500	12.000	0.164
<i>Clostridioides difficile</i>	Bacteria	0.000	0.500	0.156
<i>Dorea formicigenerans</i>	Bacteria	0.000	1.006	0.151
<i>Hominenteromicrobium mulieris</i>	Bacteria	-	-	0.127
<i>[Clostridium]</i> symbiosum	Bacteria	0.000	0.022	0.125
<i>Faecalibacterium</i> sp. PGM34	Bacteria	1.000	18.000	0.125
<i>Pusillibacter faecalis</i>	Bacteria	-	-	0.123
<i>Faecalibacterium</i> sp. 13-3-33	Bacteria	1.000	18.000	0.122
<i>Lawsonibacter asaccharolyticus</i>	Bacteria	0.000	0.155	0.118
<i>Bacteroides finegoldii</i>	Bacteria	0.000	0.353	0.117
<i>Bacteroides difficilis</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.115
<i>Barnesiella</i> sp. An22	Bacteria	-	-	0.114
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	Bacteria	0.000	0.460	0.105
<i>Phocaeicola salanitronis</i>	Bacteria	1.000	25.000	0.105
<i>Agathobacter rectalis</i>	Bacteria	0.500	10.000	0.103
<i>Thomasclavelia spiroformis</i>	Bacteria	-	-	0.099
<i>Roseburia intestinalis</i>	Bacteria	0.000	2.023	0.095
<i>Alistipes ihumii</i>	Bacteria	0.500	12.000	0.094
<i>Bacteroides eggerthii</i>	Bacteria	0.000	1.356	0.093
<i>Bacteroides</i> sp. D2	Bacteria	0.000	0.000	0.088
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	Bacteria	0.000	2.631	0.088
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	Bacteria	0.000	1.205	0.085
<i>Alistipes</i> sp. i18-0019-D1	Bacteria	0.500	12.000	0.085
<i>Anaerotruncus colihominis</i>	Bacteria	0.000	0.019	0.079
<i>[Clostridium]</i> innocuum	Bacteria	0.000	0.034	0.076
<i>Owariibacterium komagatae</i>	Bacteria	-	-	0.073

<i>Bacteroides hominis</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.073
<i>Enterococcus faecium</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.072
<i>Butyrivibrio parviroso</i>	Bacteria	-	-	0.072
<i>Paraprevotella clara</i>	Bacteria	0.000	0.012	0.071
<i>Eggerthella lenta</i>	Bacteria	0.000	0.169	0.070
<i>Faecalibacterium sp. IP-3-29</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.070
<i>Pseudoprevotella muciniphila</i>	Bacteria	-	-	0.068
<i>Roseburia hominis</i>	Bacteria	0.000	0.994	0.068
<i>Bacteroides celer</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.068
<i>Faecalibacterium sp. IP-1-18</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.067
<i>Blautia massiliensis (ex Durand et al. 2017)</i>	Bacteria	1.000	12.000	0.066
<i>Faecalibacterium sp. I2-3-92</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.065
<i>Bacteroides sp. CACC 737</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.065
<i>Coprobacter secundus</i>	Bacteria	0.000	0.036	0.063
<i>Bacteroides faecis</i>	Bacteria	0.000	0.393	0.061
<i>Faecalibacterium sp. I3-3-89</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.060
<i>Jutongia sp. SJQ-6</i>	Bacteria	-	-	0.059
<i>Bacteroides sp. A1C1</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.059
<i>Dysosmobacter sp. Phy</i>	Bacteria	-	-	0.057
<i>Parabacteroides sp. CT06</i>	Bacteria	0.500	8.000	0.057
<i>Bacteroides luhongzhouii</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.055
<i>Ruminococcus sp. SR1/5</i>	Bacteria	0.100	8.000	0.054
<i>Dorea amylophila</i>	Bacteria	0.100	4.000	0.053
<i>Faecalibacterium sp. i21-0019-B1</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.049
<i>Bacteroides sp. DH3716P</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.047
<i>Blautia sp. SC05B48</i>	Bacteria	1.000	12.000	0.047
<i>Bacteroides parvus</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.046
<i>Roseburia faecis</i>	Bacteria	0.000	6.476	0.044
<i>Bacteroides faecium</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.044
<i>Faecalibacterium hominis (ex Afrizal et al. 2022)</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.043
<i>[Clostridium] scindens</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.043
<i>Enterocloster lavalensis</i>	Bacteria	0.000	0.008	0.042
<i>Faecalibacterium sp. I4-3-84</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.042
<i>Blautia luti</i>	Bacteria	1.000	12.000	0.042
<i>Oxalobacter aliiformigenes</i>	Bacteria	-	-	0.041
<i>Clostridium sp. M62/1</i>	Bacteria	0.000	1.000	0.041
<i>Bacteroides caecimuris</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.040
<i>Coprobacter fastidiosus</i>	Bacteria	0.000	0.215	0.040
<i>Oscillibacter hominis</i>	Bacteria	-	-	0.040
<i>Bacteroides intestinalis</i>	Bacteria	0.000	0.338	0.038
<i>Pseudoflavonifractor gallinarum</i>	Bacteria	-	-	0.037
<i>Barnesiella viscericola</i>	Bacteria	-	-	0.036
<i>Bacteroides sp. HF-162</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.036
<i>Enterocloster boltea</i>	Bacteria	0.000	0.043	0.034
<i>Subdoligranulum variabile</i>	Bacteria	0.050	3.000	0.034
<i>Emergencia timonensis</i>	Bacteria	-	-	0.033
<i>Muribaculum intestinale</i>	Bacteria	-	-	0.033
<i>Faecalibacterium taiwanense</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.032

<i>Butyricimonas faecalis</i>	Bacteria	-	-	0.029
<i>Eisenbergiella porci</i>	Bacteria	-	-	0.029
<i>Faecalibacterium</i> sp. 7	Bacteria	1.000	18.000	0.027
<i>Enterocloster clostridioformis</i>	Bacteria	0.000	0.005	0.027
<i>Sellimonas catena</i>	Bacteria	-	-	0.026
<i>Adlercreutzia hattorii</i>	Bacteria	0.000	1.500	0.024
<i>Holdemania massiliensis</i>	Bacteria	-	-	0.024
<i>Gordonibacter urolithinfaciens</i>	Bacteria	-	-	0.024
<i>Faecalibacterium</i> sp. i25-0019-C1	Bacteria	1.000	18.000	0.023
<i>Collinsella</i> sp. i05-0019-G5	Bacteria	0.000	5.000	0.023
<i>Anaerostipes hadrus</i>	Bacteria	0.002	3.908	0.022
<i>Blautia producta</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.021
<i>Faecalibacterium wellingii</i>	Bacteria	1.000	18.000	0.020
<i>Hungatella hathewayi</i>	Bacteria	0.000	0.012	0.020
<i>uncultured Subdoligranulum</i> sp.	Bacteria	-	-	0.020
<i>Parabacteroides absconsus</i>	Bacteria	0.500	8.000	0.020
<i>Ruminococcus callidus</i>	Bacteria	0.000	0.034	0.019
<i>Flintibacter</i> sp. KGMB00164	Bacteria	-	-	0.019
<i>Bacteroides mucinivorans</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.017
<i>Parabacteroides</i> sp. ASD2025	Bacteria	0.500	8.000	0.017
<i>Oscillibacter</i> sp. PEA192	Bacteria	-	-	0.017
<i>Eshraghiella crossota</i>	Bacteria	-	-	0.017
<i>Christensenella massiliensis</i>	Bacteria	-	-	0.017
<i>Bacteroides pyogenes</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.016
<i>Hungatella</i> sp. SB206	Bacteria	-	-	0.016
<i>Enterocloster asparagiformis</i>	Bacteria	0.000	0.004	0.016
<i>Muribaculum gordoncarteri</i>	Bacteria	-	-	0.015
<i>Blautia hansenii</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.015
<i>Phocaeicola coprophilus</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.015
<i>Paramuribaculum intestinale</i>	Bacteria	-	-	0.015
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	Bacteria	0.000	0.004	0.015
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	Bacteria	0.100	8.000	0.014
<i>Segatella hominis</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.013
<i>Desulfovibrio piger</i>	Bacteria	0.000	0.327	0.013
<i>Hoskinsella hominis</i>	Bacteria	-	-	0.012
<i>Wansuia hejianensis</i>	Bacteria	-	-	0.011
<i>Solibaculum mannosilyticum</i>	Bacteria	-	-	0.011
<i>Coprococcus</i> sp. ART55/1	Bacteria	0.100	5.000	0.011
<i>Roseburia rectibacter</i>	Bacteria	0.500	10.000	0.010
<i>Marvinbryantia formatexigens</i>	Bacteria	-	-	0.010
<i>Bacteroides helcogenes</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.010
<i>Blautia argi</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.010
<i>Sellimonas intestinalis</i>	Bacteria	0.000	0.011	0.009
<i>Acutalibacter muris</i>	Bacteria	-	-	0.009
<i>Catenibacterium</i> sp. co_0103	Bacteria	-	-	0.009
<i>Eubacterium callanderi</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.009
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	Bacteria	0.050	3.000	0.008
<i>Bacteroides zoogloformans</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.008

<i>Clostridium cadaveris</i>	Bacteria	0.000	1.000	0.008
<i>Eubacterium maltosivorans</i>	Bacteria	0.100	5.000	0.008
<i>Sodaphilus pleomorphus</i>	Bacteria	-	-	0.008
<i>Parabacteroides chongii</i>	Bacteria	0.500	8.000	0.007
<i>Duncaniella dubosii</i>	Bacteria	-	-	0.007
<i>Butyricoccus porcorum</i>	Bacteria	-	-	0.007
<i>Clostridium</i> sp. BJN0013	Bacteria	0.000	1.000	0.007
<i>Qiana dongpingensis</i>	Bacteria	-	-	0.007
<i>Roseburia</i> sp. 831b	Bacteria	0.500	10.000	0.007
<i>Parabacteroides faecis</i>	Bacteria	0.500	8.000	0.006
<i>Clostridium perfringens</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.006
<i>Agathobaculum massiliense</i>	Bacteria	-	-	0.006
<i>[Clostridium] hylemonae</i>	Bacteria	0.000	1.000	0.006
<i>Coprococcus eutactus</i>	Bacteria	0.000	3.036	0.006
<i>Bacteroides maternus</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.006
<i>Kineothrix sedimenti</i>	Bacteria	-	-	0.006
<i>Romboutsia ilealis</i>	Bacteria	0.000	0.011	0.006
<i>Schaalia odontolytica</i>	Bacteria	0.000	0.008	0.006
<i>Thomasclavelia ramosa</i>	Bacteria	-	-	0.006
<i>Actinomyces</i> sp. oral taxon 414	Bacteria	-	-	0.005
<i>Sporosarcina</i> sp. P37	Bacteria	-	-	0.005
<i>Claveliimonas bilis</i>	Bacteria	-	-	0.005
<i>Gordonibacter pamelaee</i>	Bacteria	0.000	0.161	0.005
<i>Amedibacterium intestinale</i>	Bacteria	-	-	0.005
<i>Acidaminobacterium chupaoyuni</i>	Bacteria	-	-	0.005
<i>Lactonifactor longoviformis</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.005
<i>Spiroplasma endosymbiont of Crioceris asparagi</i>	Bacteria	-	-	0.005
<i>Christensenella minuta</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.005
<i>Faecalibaculum rodentium</i>	Bacteria	-	-	0.005
<i>Caproiciproducens</i> sp. LBM24188	Bacteria	-	-	0.005
<i>Bacteroides graminisolvens</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.005
<i>Clostridium</i> sp. OSI-26	Bacteria	0.000	1.000	0.005
<i>Eubacterium</i> sp. MSJ-33	Bacteria	0.100	5.000	0.005
<i>Mesoplasma florum</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Massilimicrobiota timonensis</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.004
<i>Clostridium</i> sp. MB40-C1	Bacteria	0.000	1.000	0.004
<i>Christensenella</i> sp. MSJ-20	Bacteria	-	-	0.004
<i>Pediococcus claussenii</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Streptococcus sanguinis</i>	Bacteria	0.000	0.001	0.004
<i>Bacteroides sedimenti</i>	Bacteria	8.000	45.000	0.004
<i>Sporanaerobacter</i> sp.	Bacteria	-	-	0.004
<i>Neoehrlichia mikurensis</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Mitsuokella multacida</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.004
<i>Companilactobacillus</i> sp. DQM5	Bacteria	-	-	0.004
<i>Chordicoccus furentiruminis</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Faecalimonas umbilicata</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Blautia pseudococcoides</i>	Bacteria	1.000	12.000	0.004
<i>Brevibacterium luteolum</i>	Bacteria	-	-	0.004

<i>Floricoccus penangensis</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Agathobaculum</i> sp. NTUH-O15-33	Bacteria	-	-	0.004
<i>Sporosarcina</i> sp. FSL K6-1522	Bacteria	-	-	0.004
<i>Roseburia</i> sp. 499	Bacteria	0.500	10.000	0.004
<i>Spiroplasma</i> endosymbiont of <i>Virgichneumon dumeticola</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Gemella</i> sp. zg-570	Bacteria	-	-	0.004
<i>Streptococcus pyogenes</i>	Bacteria	0.050	3.000	0.004
<i>Vagococcus jeotgali</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Parabacteroides</i> sp. APC149_T1_2_Y6	Bacteria	0.500	8.000	0.004
<i>Clostridium</i> sp. SY8519	Bacteria	0.000	1.000	0.004
<i>Rummeliibacillus stabekisii</i>	Bacteria	-	-	0.004
<i>Paraglaciecola psychrophila</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Shewanella benthica</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Romboutsia hominis</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Geosporobacter ferrireducens</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Caproiciproducens puteiluti</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Intestinibacter bartlettii</i>	Bacteria	0.000	0.255	0.003
<i>Mediterraneibacter glycyrrhizinilyticus</i>	Bacteria	0.050	3.500	0.003
<i>Streptococcus canis</i>	Bacteria	0.050	3.000	0.003
<i>Desulfosporosinus youngiae</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Bifidobacterium longum</i>	Bacteria	0.000	4.324	0.003
<i>Erysipelatoclostridium</i> sp. An173	Bacteria	-	-	0.003
<i>Flavobacterium</i> sp. N3904	Bacteria	-	-	0.003
uncultured <i>Bacteroides</i> sp.	Bacteria	-	-	0.003
<i>Paenibacillus</i> sp. FSL R10-2734	Bacteria	-	-	0.003
<i>Streptobacillus moniliformis</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Clostridium</i> sp. HCS.1	Bacteria	0.000	1.000	0.003
<i>Eubacterium limosum</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.003
<i>Sellimonas caecigallum</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Hominifimenecus</i> sp. rT4P-3	Bacteria	-	-	0.003
<i>Bacillus</i> sp. AK128	Bacteria	-	-	0.003
<i>Tannerella serpentiformis</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Bengtsoniella intestinalis</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Ruminococcus albus</i>	Bacteria	0.100	8.000	0.003
<i>Blautia parvula</i>	Bacteria	1.000	12.000	0.003
<i>Streptococcus urinalis</i>	Bacteria	0.050	3.000	0.003
<i>Prevotella communis</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.003
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Ruminococcus bovis</i>	Bacteria	0.100	8.000	0.003
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Prevotella melaninogenica</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.003
<i>Candidatus Pelagibacter</i> sp. RS40	Bacteria	-	-	0.003
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	Bacteria	-	-	0.003
<i>Clostridium</i> sp. 10cd*	Bacteria	0.000	1.000	0.003
<i>Lactobacillus jensenii</i>	Bacteria	0.000	2.000	0.003
<i>Haemophilus pittmaniae</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.003
<i>Prevotella intermedia</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.003
<i>Collinsella stercoris</i>	Bacteria	0.000	5.000	0.003

<i>Seonamhaeicola</i> sp. ML3	Bacteria	-	-	0.003
<i>Streptococcus suis</i>	Bacteria	0.050	3.000	0.003
<i>Ehrlichia chaffeensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Lacrimispora</i> sp. BS-2	Bacteria	-	-	0.002
<i>Ruminococcus gauvreauii</i>	Bacteria	0.100	8.000	0.002
<i>Porphyromonas levii</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Vibrio</i> sp. DW001	Bacteria	-	-	0.002
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Pontibacter akesuensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Vibrio artabrorum</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Streptococcus pasteurianus</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.002
<i>Streptococcus australis</i>	Bacteria	0.000	0.001	0.002
<i>Finegoldia magna</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.002
<i>Parolsenella catena</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Salinimonas lutimaris</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Campylobacter</i> sp. RM16192	Bacteria	-	-	0.002
<i>Clostridium</i> sp. C1	Bacteria	0.000	1.000	0.002
<i>Clostridium pasteurianum</i>	Bacteria	0.000	1.000	0.002
<i>Trichlorobacter lovleyi</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Trueperella pyogenes</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Rhodococcus erythropolis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Olsenella</i> sp. oral taxon 807	Bacteria	-	-	0.002
<i>Hujiaoplasma nucleasis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Hafnia paralvei</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.002
<i>Chromobacterium</i> sp. IIBBL 290-4	Bacteria	-	-	0.002
<i>Neokomagataea tanensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Paenibacillus konkukensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	Bacteria	0.000	0.078	0.002
<i>Caproicibacterium amyolyticum</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Oceanidesulfovibrio marinus</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Spiroplasma mirum</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Rothia mucilaginosa</i>	Bacteria	0.000	0.006	0.002
<i>Lacrimispora</i> sp. HJ-01	Bacteria	-	-	0.002
<i>Gemella sanguinis</i>	Bacteria	0.000	0.004	0.002
<i>Proteiniphilum saccharofermentans</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Streptococcus mitis</i>	Bacteria	0.000	0.005	0.002
<i>Parvimonas micra</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.002
<i>Polaribacter gangjinensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Intestinibacillus</i> sp. NTUH-41-i26	Bacteria	-	-	0.002
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Bacteria	0.000	0.056	0.002
<i>Novisyntrophococcus fermenticellae</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Salinibacter ruber</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Mycoplasma phocoenae</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Lacrimispora saccharolytica</i>	Bacteria	0.000	0.007	0.002
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	Bacteria	0.000	8.382	0.002
<i>Bacteroides</i> sp. ZJ-18	Bacteria	8.000	45.000	0.002

<i>Anaerostipes caccae</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.002
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Longicatena caecimuris</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Streptococcus thermophilus</i>	Bacteria	0.000	0.493	0.002
<i>Bacillus gobiensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Enterococcus faecalis</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.002
<i>Thermodesulfobacterium sp. TA1</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Caproicibacterium sp. BJN0003</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Aristaeella lactis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Pediococcus argentinicus</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Xylanibacter ruminicola</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Clostridium sp. MB05</i>	Bacteria	0.000	1.000	0.002
<i>Anaerostipes sp. PC18</i>	Bacteria	0.050	3.000	0.002
<i>Pseudomonas putida</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Eggerthella guodeyinii</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	Bacteria	0.000	0.613	0.002
<i>Slackia exigua</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Schaalia sp. HMT-172</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Guyarkeria halophila</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Leptodesmis sichuanensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Leucobacter triazinivorans</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Neorhizobium sp. CSC1952</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Hymenobacter weizhouensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Mixta gaviniae</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Porphyromonas sp. oral taxon 275</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Prevotella sp. E13-17</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.002
<i>Prevotella heparinolytica</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.002
<i>Prevotella sp. Rep29</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.002
<i>Achromobacter deleyi</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Arabiibacter massiliensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Francisella adeliensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Paenibacillus sp. FSL H8-0537</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Bosea sp. PAMC 26642</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Emergencia sp. JLR.KK010</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Methylomarinum roseum</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Calditerrivibrio nitroreducens</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Mycoplasma mageritensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Bifidobacterium sp. ESL0769</i>	Bacteria	0.500	12.000	0.002
<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.002
<i>Shewanella basaltis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Segatella oris</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.002
<i>Amycolatopsis bartoniae</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Fusobacterium hominis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Phascolarctobacterium succinatutens</i>	Bacteria	0.000	1.752	0.002
<i>Lachnoclostridium phytofermentans</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Mycoplasma sp. 1018B</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	0.000	1.000	0.002
<i>Maricaulis sp. MIT060901</i>	Bacteria	-	-	0.002

<i>Microtetraspora malaysiensis</i>	Bacteria	-	-	0.002
<i>Akkermansia sp. EB-AMDK43</i>	Bacteria	0.050	4.000	0.001
<i>Breznakiella homolactica</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Haliangium ochraceum</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Frigoribacterium sp. NBH87</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Fusarium oxysporum</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Aristaeella hokkaidonensis</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Eggerthella sp. YY7918</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Deinococcus soli (ex Cha et al. 2016)</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Ruminiclostridium herbifermentans</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Raoultibacter timonensis</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Pseudomonas sp. LB3P93</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Proteiniclasticum sp. QWL-01</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Campylobacter vicugnae</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Corynebacterium durum</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.001
<i>Lachnoanaerobaculum gingivalis</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Paludibacter propionigenes</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Cereibacter azotoformans</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Lacrimispora xylanolytica</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Labilithrix luteola</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Nocardioides sp. HDW12B</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Verrucomicrobium sp. GAS474</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Ornithobacterium rhinotracheale</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Murdochella vaginalis</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Clostridium cellulovorans</i>	Bacteria	0.000	1.000	0.001
<i>Anaerofustis stercorihominis</i>	Bacteria	0.000	0.000	0.001
<i>Arachidicoccus terrestris</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Sporomusa rhizae</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Streptococcus oralis</i>	Bacteria	0.000	0.002	0.001
<i>Acidovorax sp.</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Caproicibacterium lactatifermentans</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Cellulophaga lytica</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Pseudomonas sp. R1-1</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Prevotella sp. oral taxon 475</i>	Bacteria	0.000	35.000	0.001
<i>Phenylobacterium zucineum</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Porphyromonas somerae</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Monoglobus pectinilyticus</i>	Bacteria	0.000	0.149	0.001
<i>Paraburkholderia atlantica</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Luteibacter flocculans</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Paenibacillus sp. P36</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Xiamenia xianingshaonis</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Streptococcus salivarius</i>	Bacteria	0.000	0.584	0.001
<i>Streptomyces canus</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Selenomonas sp. oral taxon 478</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Sphingomonas aerolata</i>	Bacteria	-	-	0.001
<i>Allobaculum sp. Allo2</i>	Bacteria	-	-	0.001

Microorganismo	Dominio	Ref. mín. (%)	Ref. máx. (%)	Abundancia (%)
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	Arquea	-	-	0.077
<i>Methanobrevibacter sp. TLL-48-HuF1</i>	Arquea	-	-	0.002
<i>Methanobrevibacter intestini</i>	Arquea	-	-	0.001

ANEXO II: PANELES ESPECÍFICOS DE HONGOS, LEVADURAS Y PARÁSITOS

En este anexo se detallan las especies incluidas en los paneles de hongos, levaduras y parásitos analizados.

HONGOS Y LEVADURAS

Especies incluidas en el panel		
<i>Aspergillus flavus</i>	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Meyerozyma guilliermondii</i>
<i>Aspergillus fumigatus</i>	<i>Clavispora lusitaniae</i>	<i>Mucor circinelloides</i>
<i>Aspergillus nidulans</i>	<i>Coccidioides immitis</i>	<i>Paracoccidioides brasiliensis</i>
<i>Aspergillus niger</i>	<i>Cryptococcus gattii</i>	<i>Penicillium camemberti</i>
<i>Aspergillus oryzae</i>	<i>Cryptococcus neoformans</i>	<i>Penicillium chrysogenum</i>
<i>Aspergillus terreus</i>	<i>Debaryomyces hansenii</i>	<i>Penicillium expansum</i>
<i>Blastomyces dermatitidis</i>	<i>Fusarium oxysporum</i>	<i>Penicillium roqueforti</i>
<i>Candida albicans</i>	<i>Galactomyces candidum</i>	<i>Pichia kudriavzevii</i>
<i>Candida auris</i>	<i>Geotrichum candidum</i>	<i>Rhizopus microsporus</i>
<i>Candida dubliniensis</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<i>Rhizopus oryzae</i>
<i>Candida glabrata</i>	<i>Kluyveromyces lactis</i>	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>
<i>Candida krusei</i>	<i>Kluyveromyces marxianus</i>	<i>Saccharomyces boulardii</i>
<i>Candida lusitaniae</i>	<i>Malassezia furfur</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>
<i>Candida metapsilosis</i>	<i>Malassezia globosa</i>	<i>Saccharomyces paradoxus</i>
<i>Candida orthopsilosis</i>	<i>Malassezia restricta</i>	<i>Trichosporon asahii</i>
<i>Candida parapsilosis</i>	<i>Malassezia sympodialis</i>	<i>Yarrowia lipolytica</i>

PARÁSITOS

Especies incluidas en el panel		
<i>Ancylostoma duodenale</i>	<i>Diphyllobothrium latum</i>	<i>Isospora belli</i>
<i>Anisakis simplex</i>	<i>Endolimax nana</i>	<i>Microsporidia</i>
<i>Ascaris lumbricoides</i>	<i>Entamoeba dispar</i>	<i>Necator americanus</i>
<i>Blastocystis hominis</i>	<i>Entamoeba histolytica</i>	<i>Pentatrichomonas hominis</i>
<i>Blastocystis sp.</i>	<i>Enterobius vermicularis</i>	<i>Schistosoma mansoni</i>
<i>Chilomastix mesnili</i>	<i>Fasciola hepatica</i>	<i>Strongyloides stercoralis</i>
<i>Cryptosporidium hominis</i>	<i>Giardia duodenalis</i>	<i>Taenia saginata</i>
<i>Cryptosporidium parvum</i>	<i>Giardia intestinalis</i>	<i>Taenia solium</i>
<i>Cyclospora cayetanensis</i>	<i>Giardia lamblia</i>	<i>Toxoplasma gondii</i>
<i>Cystoisospora belli</i>	<i>Hymenolepis nana</i>	<i>Trichuris trichiura</i>
<i>Dientamoeba fragilis</i>	<i>Iodamoeba butschlii</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>

ANEXO III: 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 amonio, 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.

ANEXO IV: RECOMENDACIONES GENERALES DE ALIMENTOS POR DOMINIO FUNCIONAL

INFLAMACIÓN / LPS

Los alimentos de esta sección favorecen la producción de Ácidos Grasos de Cadena Corta (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
Albaricque	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 V: GUÍA DE PREBIÓTICOS

El microbioma intestinal contiene especies microbianas que digieren tanto fibra como proteínas. **Los prebióticos son componentes de los alimentos que determinados microorganismos intestinales** utilizan selectivamente, generando efectos potencialmente beneficiosos para la salud.

TIPOS DE PREBIÓTICOS

Los prebióticos no actúan todos de la misma manera. Cada tipo puede favorecer grupos bacterianos y funciones diferentes, como la producción de ácidos grasos de cadena corta, el mantenimiento de la barrera intestinal o la regulación inmunitaria. La abundancia indicada refleja su presencia estimada en la selección de alimentos recomendados, no la cantidad que debe consumirse.

Abreviatura	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	Arabinoxilano	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

Esta tabla relaciona determinadas bacterias beneficiosas con los prebióticos que pueden favorecer su crecimiento o actividad. Estas asociaciones sirven como orientación para personalizar la alimentación, pero la respuesta depende del conjunto del microbioma, la tolerancia digestiva y la situación clínica de cada persona.

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

MICROORGANISMOS POTENCIALMENTE PERJUDICIALES

La presencia de estos microorganismos no implica necesariamente enfermedad. Su relevancia depende de su abundancia, del equilibrio con el resto de la microbiota y del contexto clínico. Las recomendaciones dietéticas están orientadas a limitar las condiciones que favorecen su expansión y a promover un ecosistema intestinal más equilibrado.

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

ALIMENTOS Y PREBIÓTICOS ASOCIADOS

Los puntos verdes indican qué tipos de prebióticos aporta principalmente cada alimento. Esta tabla permite combinar distintas fuentes vegetales para aumentar la diversidad de sustratos disponibles para la microbiota. La incorporación debe ser progresiva y adaptarse a la tolerancia digestiva, especialmente si existe distensión, gases o sensibilidad intestinal.

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	●	●	●	●	●	●	●
Cacahuètes	●	●	●	●	●	●	●
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 VI: 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.

REFERENCIAS

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., Durauffour, 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, Á., 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/UserFiles/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://semipyp.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., Montejo, 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., Varna, 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 prebiotics. *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

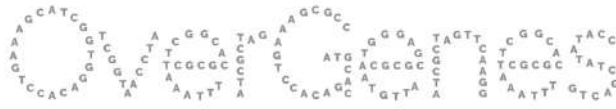
- [61] Cryan, J. F., O'Riordan, K. J., Cowan, C. S. M., Sandhu, K. V., Bastiaanssen, T. F. S., Boehme, M., Codagnone, M. G., Cusotto, S., Fulling, C., Golubeva, A. V., Guzzetta, K. E., Jaggar, M., Long-Smith, C. M., Lyte, J. M., Martin, J. A., Molinero-Perez, A., Moloney, G. M., Morelli, E., Morillas, 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