

Nº de muestra: 21/H/1000030
 Paciente:
 Fecha de nacimiento / Sexo:
 Fecha de recepción: 18/01/2021 10:36
 Fecha de extracción: 18/01/2021 10:36

ESTUDIO DE DISBIOSIS E INFLAMACIÓN SISTÉMICA

Nº de muestra: 21/H/1000030
 Paciente:

Fecha de dictamen:
 Fecha nacimiento / Sexo:



Microbiota Inmunomoduladora



Realiza una señalización y entrenamiento continuo del sistema inmune, normalizando su respuesta de tolerancia inmune y modulando la inflamación.



Microbiota Protectora



Estabiliza el medio intestinal y protege frente al crecimiento y colonización de microorganismos patógenos.



Microbiota Muconutritiva



Mantiene el trofismo de la capa de mucus que tapiza el epitelio intestinal. El mucus, además de lubricar y favorecer el tránsito intestinal, protege la mucosa y alberga gran parte de la microbiota. Tiene gran relevancia metabólica.



Microbiota Proteolítica



Son bacterias que participan en la digestión de las proteínas. Si crecen por encima de los rangos de normalidad (suponen menos del 0.01% del total de la microbiota) se comportan como patógenos.



Hongos y Levaduras



Viven normalmente en el intestino y otras mucosas del organismo. El género Candida está formado por más de 200 especies. Candida albicans es la especie que tiene la mayor relevancia médica por ser un microorganismo patógeno facultativo.



Número Total de Microorganismos



Es importante valorar el número total de colonias bacterianas ya que relativiza o magnifica los valores de cada uno de los grupos bacterianos cuantificados en este test.



Microbiota Sacarolítica Primaria



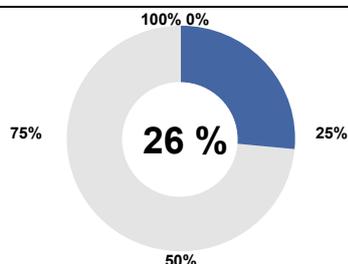
Apoya a la microbiota muconutritiva en la digestión de las cadenas largas y complejas de los hidratos de carbono y colabora con otras especies bacterianas para degradar la fibra.



Microbiota Neuroactiva



Producen ácido gamma-aminobutírico (GABA), que activa los receptores específicos de neurotransmisores del intestino, modulando el eje intestino-cerebro, el sistema inmunitario, el tránsito intestinal y el dolor visceral.



Nos da información global de la estabilidad, resistencia y capacidad de recuperación de la microbiota valorando la relación entre los microorganismos clave de cada uno de los siete principales grupos funcionales.



FODMAP



Una dieta pobre en FODMAP puede estar indicada si un paciente sufre de condiciones tales como síndrome del intestino irritable, flatulencia y movimientos intestinales alterados.

ESTUDIO DE DISBIOSIS E INFLAMACIÓN SISTÉMICA

Nº de muestra: 21/H/1000030
 Paciente:

Fecha de dictamen:
 Fecha nacimiento / Sexo:

	Microbiota Inmunomoduladora		Microbiota Protectora
	Microbiota Muconutritiva		Microbiota Proteolítica
	Hongos y Levaduras		Número Total de Microorganismos
	Microbiota Sacarolítica Primaria		Marcadores de Inflamación y Endotoxemia
	Microbiota Neuroactiva		

		Resultado Unidad	10 ²	10 ³	10 ⁴	10 ⁵	10 ⁶	10 ⁷	10 ⁸	10 ⁹	10 ¹⁰	10 ¹¹	10 ¹²	Interpretación	Valores Ref.	Método
	Escherichia coli	2 x 10 ⁵ UFC/g				↓								↓ LIGERAMENTE REDUCIDO	≥1x10 ⁶	CUL
	Enterococcus spp.	3 x 10 ⁵ UFC/g				↓								↓ LIGERAMENTE REDUCIDO	≥1x10 ⁶	CUL
	Bacteroides spp.	1 x 10 ⁹ copias/g								●				✓ NORMAL	≥1x10 ⁹	PCR
	Bifidobacterium spp.	2 x 10 ⁷ copias/g						↓						↓ LIGERAMENTE REDUCIDO	≥1x10 ⁸	PCR
	Lactobacillus spp.	2 x 10 ⁴ UFC/g			↓									↓ LIGERAMENTE REDUCIDO	≥1x10 ⁵	CUL
	H2O2-Lactobacillus	1 x 10 ⁴ UFC/g		↓										↓↓ CLARAMENTE REDUCIDO	≥1x10 ⁵	CUL
	Faecalibacterium prausnitzii	2 x 10 ⁸ copias/g								↓				↓ LIGERAMENTE REDUCIDO	≥1x10 ⁹	PCR
	Akkermansia muciniphila	3 x 10 ⁵ copias/g				↓								↓↓↓ ALTAMENTE REDUCIDO	≥1x10 ⁸	PCR
	Bifidobacterium adolescentis	2 x 10 ⁵ copias/g				↓								↓ REDUCIDO	≥1x10 ⁸	PCR
	Ruminococcus bromii	2 x 10 ⁹ copias/g								●				✓ NORMAL	≥1x10 ⁸	PCR
	Bifidobacterium adolescentis	2 x 10 ⁵ copias/g				↓								↓ REDUCIDO	≥1x10 ⁸	PCR
	Lactobacillus plantarum	4 x 10 ⁷ copias/g						●						✓ NORMAL	≥1x10 ⁷	PCR
	Microbiota portadora de LPS	1 x 10 ⁷ copias/g						●						✓ NORMAL	≤5x10 ⁷	PCR
	E. coli Biovare	4 x 10 ⁶ UFC/g						↑						↑↑↑ MUY ELEVADO	<1x10 ⁴	CUL
	Proteus spp.	<1 x 10 ⁴ UFC/g			●									✓ NORMAL	<1x10 ⁴	CUL
	Pseudomonas spp.	<1 x 10 ⁴ UFC/g			●									✓ NORMAL	<1x10 ⁴	CUL
	Otros microorganismos proteolíticos	<1 x 10 ⁴ UFC/g			●									✓ NORMAL	<1x10 ⁴	CUL
	Clostridium spp.	<1 x 10 ⁴ UFC/g			●									✓ NORMAL	<5x10 ⁴	CUL
	Levaduras	1 x 10 ³ UFC/g		●										✓ NORMAL	≤1x10 ³	CUL
	Hongos	0	●											✓ SIN CRECIMIENTO		CUL
	Número Total de Microorganismos	2 x 10 ¹⁰ copias/g											↓	↓ LIGERAMENTE REDUCIDO	≥1x10 ¹¹	PCR
	Consistencia de las Heces	PASTOSA														
	pH	6,0				●								✓ NORMAL	5,8-6,5	pH

LA MICROBIOTA INTESTINAL

Un gran número y diversidad de microorganismos colonizan normalmente nuestra piel y mucosas. Es en el intestino donde la tasa de colonización es más alta, especialmente a nivel del intestino grueso. El total de microorganismos que lo colonizan es muy superior al número total de células del organismo y su carga genética supera 100 veces la información que aporta el genoma de nuestras células eucariotas.

En el intestino están descritas más de 1.500 especies de microorganismos diferentes, que viven en equilibrio entre ellos y conviven con nosotros en una relación de simbiosis mutualista, es decir, en beneficio mutuo.

Sus principales funciones son, entre otras: digestiva, defensa frente a la colonización por gérmenes patógenos, metabólica, trófica, estabilización de la barrera epitelial (permeabilidad), inmunitaria, regulación del peristaltismo o modulación del eje intestino-cerebro.

ANÁLISIS DE MICROBIOTA

La disbiosis implica un desequilibrio cuantitativo y/o cualitativo de los microorganismos de la microbiota y está asociada a múltiples disfunciones: inflamación de la pared intestinal, alteración del funcionamiento de sistema inmune de mucosas, alteraciones de la permeabilidad y puede ser causa de diversos procesos: intolerancias alimentarias, problemas digestivos, alteraciones metabólicas, desequilibrios neurológicos entre otros.

Este test permite diagnosticar y valorar la actividad de diferentes grupos funcionales de la microbiota intestinal, cuantificando los microorganismos más relevantes de cada grupo, por técnicas RT-PCR 16s rRNA en unos casos y cultivo en placa en otros, permitiendo así evaluar la actividad metabólica de las bacterias cultivadas.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DE MICROBIOTA INMUNOMODULADORA

La alteración de las bacterias inmunomoduladoras puede afectar a los fenómenos de tolerancia antigénica, lo que compromete la normal discriminación entre los elementos inofensivos (ej. nutrientes) y los elementos potencialmente tóxicos, frente a los que habría que poner en marcha una respuesta inmunitaria de defensa.

El déficit de estas bacterias puede ser factor determinante en la aparición de algunos cuadros alérgicos.

Además, puede contribuir a la desestabilización del equilibrio global de la microbiota, favoreciendo la disbiosis y la inflamación.

- **ESCHERICHIA COLI**

Recuento de *E. coli* ligeramente reducido.

E. coli se localiza principalmente en el intestino delgado y tiene una potente acción inmunomoduladora. Su pérdida favorece la inflamación local, la disbiosis y predispone a padecer cuadros clínicos alérgicos y autoinmunes.

ESTUDIO DE DISBIOSIS E INFLAMACIÓN SISTÉMICA

Nº de muestra: 21/H/1000030
Paciente:

Fecha de dictamen:
Fecha nacimiento / Sexo:

- ENTEROCOCCUS

Recuento de *Enterococcus* ligeramente reducido.

El género *Enterococcus* coloniza principalmente el intestino delgado y contribuye, decisivamente, en la resistencia de las mucosas frente a la colonización por patógenos, ya que estimula la producción local del anticuerpo IgA. Su déficit favorece cuadros de infecciones de repetición.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DE MICROBIOTA PROTECTORA

Un resultado alterado de las bacterias protectoras desestabiliza el medio intestinal, disminuye la función de barrera frente a la colonización por patógenos, favorece la disbiosis, dificulta el transporte y absorción de nutrientes, altera la nutrición del epitelio y favorece la inflamación local, lo que puede alterar la correcta permeabilidad intestinal.

Todo esto puede ser causa de cuadros de diarrea y/o estreñimiento .

- BIFIDOBACTERIUM

Recuento de *Bifidobacterium* ligeramente reducido.

El género *Bifidobacterium* coloniza principalmente intestino grueso, su alteración implica una disminución en la producción de ácidos grasos de cadena corta (principalmente butirato) lo que favorece la inflamación del epitelio intestinal.

- LACTOBACILLUS

Recuento de *Lactobacillus* ligeramente reducido.

El género *Lactobacillus* coloniza principalmente el intestino delgado, su disminución implica una pérdida de la barrera frente a la colonización por patógenos por disminución en la producción de bacteriocinas ("antibióticos" naturales) y favorece un cambio del pH intestinal, a ese nivel.

- LACTOBACILLUS H2O2

Recuento de *Lactobacillus* productores de H₂O₂ reducido.

El H₂O₂ (peróxido de hidrógeno o agua oxigenada) tiene una eficaz acción de destrucción de los microorganismos patógenos. Su disminución favorece la infección por bacterias y, sobre todo, por hongos y levaduras.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DE MICROBIOTA MUCONUTRITIVA

La alteración de las bacterias muconutritivas implica una alteración, adelgazamiento o pérdida parcial de la capa de mucus que tapiza el epitelio intestinal, lo que altera su protección y favorece la aparición de cuadros crónicos de inflamación y alteración de permeabilidad. La capa de mucus es también el alojamiento natural de gran parte de la microbiota, por lo que su alteración favorece también la disbiosis.

- **FAECALIBACTERIUM PRAUSNITZII**

Recuento de *Faecalibacterium prausnitzii* ligeramente reducido.

Faecalibacterium prausnitzii se localiza principalmente a nivel de íleon distal y colon ascendente. Su acción metabólica principal es la fermentación y sacarólisis de la fibra alimentaria (sobre todo del almidón resistente) para producir ácidos grasos de cadena corta, principalmente butirato. Su déficit altera la nutrición del epitelio intestinal y favorece la inflamación local.

Faecalibacterium prausnitzii suele estar disminuida en cuadros de diarrea crónica, IBS (colon irritable) y Enfermedad Inflamatoria Crónica (Enfermedad de Crohn y Colitis Ulcerosa).

- **AKKERMANSIA MUCINIPHILA**

Recuento de *Akkermansia muciniphila* muy reducido.

Akkermansia muciniphila se aloja en la capa externa de mucus y es la responsable mayoritaria de su estabilidad, ya que modula a la vez su degradación. Esta bacteria utiliza esta capa de mucus como fuente de nutrientes, y estimula a las células caliciformes para que produzcan las glucoproteínas que la forman, asegurando así la continua renovación y calidad de la capa de mucus. Un déficit de *Akkermansia muciniphila* implica la alteración del mucus lo que favorece la desprotección del epitelio intestinal y la inflamación.

Es también relevante su acción sobre el metabolismo, especialmente en la neoglucogénesis. Recuentos disminuidos son habituales en pacientes con diabetes tipo 2, obesidad, hígado graso no alcohólico, síndrome de fatiga crónica, fibromialgia y en niños autistas.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DE MICROBIOTA SACAROLÍTICA PRIMARIA

Un déficit de la microbiota sacarolítica primaria, compromete la digestión de los hidratos de carbono de cadenas larga y compleja. Esto dificulta funcionalmente a la actividad de la microbiota muconutritiva disminuyendo la síntesis de ácidos grasos de cadena corta.

- **BIFIDOBACTERIUM ADOLESCENTIS**

Recuento de *Bifidobacterium adolescentis* reducido.

Un déficit de esta bacteria compromete la digestión de los hidratos de carbono de cadenas largas y complejas. Esto dificulta, funcionalmente, la actividad de la microbiota muconutritiva disminuyendo la síntesis de ácidos grasos de cadena corta.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DE MICROBIOTA NEUROACTIVA

Un resultado alterado de las bacterias neuroactivas, no asegura la adecuada producción de ácido γ -aminobutírico (GABA), lo que puede acrecentar la sensación de dolor visceral, aumentar la liberación de citoquinas proinflamatorias. El déficit de GABA puede también contribuir a cuadros de ansiedad y depresión.

ESTUDIO DE DISBIOSIS E INFLAMACIÓN SISTÉMICA

Nº de muestra: 21/H/1000030
Paciente:

Fecha de dictamen:
Fecha nacimiento / Sexo:

- BIFIDOBACTERIUM ADOLESCENTIS

Recuento de *Bifidobacterium adolescentis* reducido.

BACTERIAS PORTADORAS DE LIPOPOLISACÁRIDOS (LPS)

Técnica RT-PCR 16S rRNA

Los lipopolisacáridos (LPS) forman parte de la estructura capsular normal de las bacterias Gram negativas. Si atraviesan el epitelio intestinal, se comportan como endotoxinas, generando inflamación silente y siendo responsables de disfunciones metabólicas.

La microbiota portadora de LPS es normal.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DE MICROBIOTA PROTEOLÍTICA

El recuento de bacterias proteolíticas está por encima de los rangos de normalidad, esto puede ser causa de un aumento (alcalinización) del pH del medio intestinal, que es fisiológicamente ácido. Su sobrecrecimiento conlleva un aumento de productos metabólicos como amoniaco, aminos biógenas (histamina, tiramina, putrescina, cadaverina, feniletilamina...), sulfuros, indol, escatol, fenol, etc. que interfieren en la digestión normal, lesionan el epitelio intestinal, alteran su permeabilidad y favorecen la inflamación local y sistémica. En estas circunstancias, se puede producir un aumento de la carga orgánica de tóxicos y alérgenos que atraviesan la pared intestinal, pudiendo sobrecargar la función hepática y ser causa de intolerancias alimentarias.

El aumento de estas bacterias, habitualmente, genera cuadros con gran sintomatología digestiva.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DE HONGOS Y LEVADURAS

El recuento de hongos y levaduras se sitúa en rangos de normalidad.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DEL NÚMERO TOTAL DE MICROORGANISMOS

Su número total de microorganismos está por debajo del rango de normalidad. Esto es indicativo de una notable alteración del medio gastrointestinal, de posibles déficits funcionales y metabólicos de la microbiota, pudiendo también disminuir la resistencia a la colonización por patógenos facultativos bacterianos o fúngicos, favoreciéndose la disbiosis.

INTERPRETACIÓN DEL ANÁLISIS DE pH EN HECES

El pH se encuentra dentro de los rangos de normalidad. Esto es indicativo de un normal rendimiento enzimático y metabólico.

El pH ácido es el más adecuado para la estabilidad de la microbiota saprofita normal.

ESTUDIO DE DISBIOSIS E INFLAMACIÓN SISTÉMICA

Nº de muestra: 21/H/1000030
Paciente:

Fecha de dictamen:
Fecha nacimiento / Sexo:

ZONULINA

Técnica: ELISA

Proteína que modula la permeabilidad de las uniones estrechas (tight junctions) que unen las células de la pared del epitelio intestinal.

El resultado de zonulina en heces está en rango de normalidad.

Esto indica un normal funcionamiento de la permeabilidad del epitelio intestinal.

INTERPRETACIÓN DEL ÍNDICE DE RESILIENCIA

El índice de resiliencia en KyberBioma® nos indica el estado del equilibrio ecológico de la microbiota y, por lo tanto, su capacidad para hacer frente a las perturbaciones.

- **ÍNDICE DE RESILIENCIA ALTO**

Un alto índice de resiliencia es indicativo de que la microbiota puede mantener su estructura, distribución y funciones esenciales, a pesar de las influencias potencialmente perjudiciales. Es eficaz y eficiente para recuperarse rápidamente de posibles alteraciones.

- **ÍNDICE DE RESILIENCIA BAJO**

Un índice de resiliencia bajo indica que la estructura, distribución y funciones esenciales de la microbiota, no son estables por lo que las influencias perjudiciales pueden conducir rápidamente a cuadros disbióticos y síntomas clínicos.

- **ÍNDICE DE RESILIENCIA MUY BAJO**

Un índice de resiliencia muy bajo indica cronicidad en las alteraciones estructurales y funcionales de la microbiota, por impacto severo y/o repetido de agresiones que la afectan, como por ejemplo los antibióticos.

INTERPRETACIÓN TIPO FODMAP

Kyberbioma con este valor, aporta una característica de la microbiota muy relevante para completar correctamente el enfoque nutricional y el tratamiento de la disbiosis: el tipo de FODMAP. La composición de la microbiota varía la tolerancia a los FODMAP.

Los FODMAP son:

- Fermentables**
- Oligosacáridos (galactooligosacáridos)**
- Disacáridos (lactosa)**
- Monosacáridos (fructosa) y (And)**
- Polióles (sorbitol, manitol, xilitol y maltitol).**

Cuando no tenemos los enzimas específicos para digerirlos o sus receptores están saturados, no se produce el normal transporte ni absorción a nivel del intestino delgado llegando, por tanto, sin cambios al colon. Estos azúcares son muy osmóticos. El aumento de agua diluye las heces y acelera el tránsito intestinal, favoreciendo la diarrea. La microbiota de intestino grueso los fermenta y produce muchos gases, que aumentan la presión sobre la pared intestinal, causando dolor y otros síntomas digestivos.

- FODMAP tipo 1:

Los alimentos con FODMAP, generalmente, son bien tolerados.

Una dieta baja en FODMAP no aportará alivio a los problemas del colon irritable.

En los pacientes FODMAP Tipo 1, la dieta de restricción estricta no está indicada.

- FODMAP tipo 2:

Los alimentos con FODMAP son tolerados parcialmente.

Se debe recomendar una dieta pobre en FODMAP.

Solo en los pacientes con FODMAP tipo 3 y, parcialmente, en FODMAP tipo 2, está recomendado reducir la digestión de estos azúcares indigeribles.

- FODMAP tipo 3:

Se deben evitar los alimentos con FODMAP.

Una dieta exenta de FODMAP está indicada para aliviar los síntomas asociados.

Solo en los pacientes con FODMAP tipo 3 y, parcialmente, en FODMAP tipo 2, está recomendado reducir la digestión de estos azúcares indigeribles.

Si un paciente FODMAP tipo 3 padece síndrome de intestino irritable, una dieta baja en FODMAP es prometedora durante el tratamiento de la disbiosis asociada.