



Orden: 999999-9999



Cliente #: 999999

Doctor: Sample Doctor, MD
Doctors Data Inc
123 Main St.
St. Charles, 60174 USA

Paciente: Sample Patient

Identificación: 999999

Edad: 55

Fecha de Nacimiento: 01/01/1968

Sexo: Female

Toma de Muestra

Fecha y hora

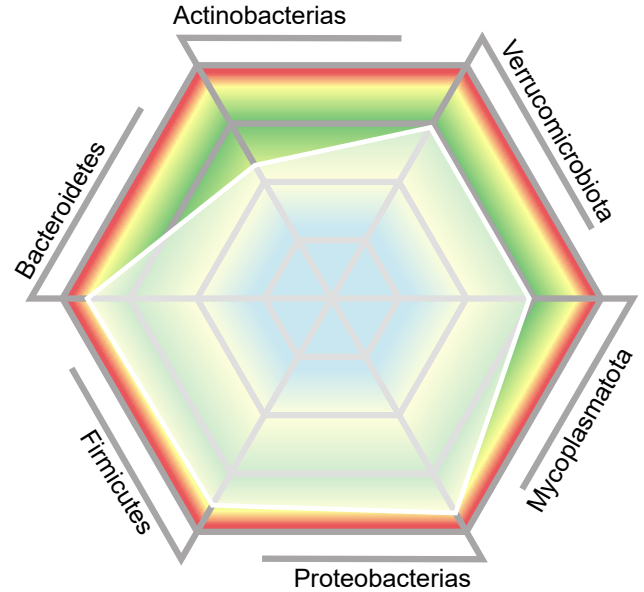
Fecha de Recolectado 15/04/2024

Fecha Recibida 25/04/2024

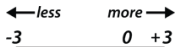
Fecha Reportada 02/05/2024

Resumen de la Abundancia y Diversidad del Microbioma

La abundancia y diversidad de bacterias gastrointestinales proporcionan una indicación de salud gastrointestinal, y los desequilibrios microbianos intestinales pueden contribuir a la disbiosis y otras enfermedades crónicas. El perfil de microbioma GI360™ es una herramienta de análisis de ADN de microbiota intestinal que identifica y caracteriza más de 45 analitos específicos en seis Phyla mediante PCR y compara los resultados del paciente con una población de referencia normobiótica caracterizada. El gráfico web ilustra el grado en que el perfil del microbioma de un individuo se desvía de la normobiosis.



LEYENDA



La imagen web muestra la diversidad relativa y el equilibrio entre las bacterias que pertenecen a los seis Phyla primarios. El área sombreada en blanco representa los resultados del paciente en comparación con una población de referencia normobiótica. El centro de la red representa menos abundancia, mientras que los bordes exteriores representan más normobióticos.

Dysbiosis and Diversity Index

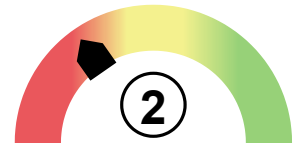
These indexes are calculated from the results of the Microbiome Profile, with scores ranging from 1 to 5, and do not include consideration of dysbiotic and pathogenic bacteria, yeast, parasites and viruses that may be reported in subsequent sections of the GI360™ test.

El índice de disbiosis (DI) se calcula estrictamente a partir de los resultados del perfil de microbioma, con puntuaciones de 1 a 5. Una puntuación de DI superior a 2 indica disbiosis; un perfil de microbiota que difiere de la población de referencia normobiótica definida. Cuanto mayor sea la DI por encima de 2, más se desvía la muestra del perfil normobiótico. La prueba de disbiosis y la DI no incluyen la consideración de bacterias disbióticas y patógenas, levaduras, parásitos y virus que pueden informarse en secciones posteriores de la prueba GI360™.

A diversity score of 3 indicates an expected amount of diversity, with 4 & 5 indicating an increased distribution of bacteria based on the number of different species and their abundance in the sample, calculated based on Shannon's diversity index. Scores of 1 or 2 indicate less diversity than the defined normobiotic reference population.



Dysbiosis Index



Diversity Score

GI Health Markers

- Butyrate producing bacteria
- Gut barrier protective bacteria
- Gut intestinal health marker
- Pro-inflammatory bacteria
- Gut barrier protective bacteria vs. opportunistic bacteria

= Expected = Imbalanced

Resultados clave



Orden: 999999-9999



Cliente #: 999999

Doctor: Sample Doctor, MD
Doctors Data Inc
123 Main St.
St. Charles, 60174 USA

Paciente: Sample Patient

Identificación: 999999

Edad: 55

Fecha de Nacimiento: 01/01/1968

Sexo: Female

Toma de Muestra

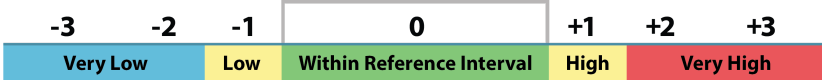
Fecha y hora

Fecha de Recolectado 15/04/2024

Fecha Recibida 25/04/2024

Fecha Reportada 02/05/2024

LEYENDA



Los resultados se representan gráficamente como desviaciones de una población normobiótica. La normobiosis o un estado normobiótico caracteriza una composición del perfil de la microbiota en la que los microorganismos con potenciales beneficios para la salud predominan en abundancia y diversidad sobre los potencialmente dañinos.

Actinobacterias	Resultado	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	Intervalo de Referencia
Actinobacterias	0				▲				0
<i>Actinomycetales</i>	-1			▲					0
<i>Bifidobacterium</i> family	0				▲				0
Bacteroidetes	Resultado	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	Intervalo de Referencia
<i>Alistipes</i> spp.	-2		▲						0
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0				▲				0
<i>Bacteroides fragilis</i>	0				▲				0
<i>Bacteroides</i> spp. & <i>Prevotella</i> spp.	+1					▲			0
<i>Bacteroides</i> spp.	+3							▲	0
<i>Bacteroides pectinophilus</i>	0				▲				0
<i>Bacteroides stercoris</i>	0				▲				0
<i>Bacteroides zooglyphiformans</i>	-1			▲					0
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	0				▲				0
<i>Parabacteroides</i> spp.	0				▲				0
Firmicutes	Resultado	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	Intervalo de Referencia
Firmicutes	0				▲				0
Clase de Bacilos	0				▲				0
<i>Catenibacterium mitsuokai</i>	0				▲				0

Notas:

The gray-shaded area of the bar graph represents reference values outside the reporting limits for this test.

*Esta prueba fue desarrollada y sus características de rendimiento determinadas por Doctor's Data Laboratories de manera consistente con los requisitos de CLIA. La Administración de Drogas y Alimentos de los Estados Unidos (FDA) no ha aprobado ni autorizado esta prueba; sin embargo, actualmente no se requiere la autorización de la FDA para uso clínico. Los resultados no están destinados a ser utilizados como un único medio para el diagnóstico clínico o las decisiones de manejo del paciente.

Metodología: PCR multiplex



Orden: 999999-9999



Cliente #: 999999

Doctor: Sample Doctor, MD
Doctors Data Inc
123 Main St.
St. Charles, 60174 USA

Paciente: Sample Patient

Identificación: 999999

Edad: 55

Fecha de Nacimiento: 01/01/1968

Sexo: Female

Toma de Muestra

Fecha y hora

Fecha de Recolectado 15/04/2024

Fecha Recibida 25/04/2024

Fecha Reportada 02/05/2024

Firmicutes	Resultado	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	Intervalo de Referencia
Clase Clostridia	0								0
<i>Clostridium methylpentosum</i>	0								0
<i>Clostridium</i> L2-50	0								0
<i>Coprobacillus cateniformis</i>	0								0
<i>Dialister invisus</i>	0								0
<i>Dialister invisus</i> & <i>Megasphaera micronuciformis</i>	0								0
<i>Dorea</i> spp.	-1								0
<i>Holdemanella bififormis</i>	0								0
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	0								0
<i>Agathobacter rectalis</i>	0								0
<i>Eubacterium siraeum</i>	0								0
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	-2								0
Lachnospiraceae	0								0
<i>Ligilactobacillus ruminis</i> & <i>Pediococcus acidilactici</i>	0								0
<i>Lactobacillus</i> family	0								0
<i>Phascolarctobacterium</i> spp.	+1								0
<i>Ruminococcus albus</i> & <i>R. bromii</i>	0								0
<i>Mediterraneibacter gnavus</i>	+3								0
<i>Streptococcus agalactiae</i> & <i>Agathobacter rectalis</i>	0								0
<i>Streptococcus salivarius</i> ssp. <i>thermophilus</i> & <i>S. sanguinis</i>	+1								0

Notas:

The gray-shaded area of the bar graph represents reference values outside the reporting limits for this test.

*Esta prueba fue desarrollada y sus características de rendimiento determinadas por Doctor's Data Laboratories de manera consistente con los requisitos de CLIA. La Administración de Drogas y Alimentos de los Estados Unidos (FDA) no ha aprobado ni autorizado esta prueba; sin embargo, actualmente no se requiere la autorización de la FDA para uso clínico. Los resultados no están destinados a ser utilizados como un único medio para el diagnóstico clínico o las decisiones de manejo del paciente.

Metodología: PCR multiplex



Orden: 999999-9999



Cliente #: 999999

Doctor: Sample Doctor, MD
Doctors Data Inc
123 Main St.
St. Charles, 60174 USA

Paciente: Sample Patient

Identificación: 999999

Edad: 55

Fecha de Nacimiento: 01/01/1968

Sexo: Female

Toma de Muestra

Fecha y hora

Fecha de Recolectado 15/04/2024

Fecha Recibida 25/04/2024

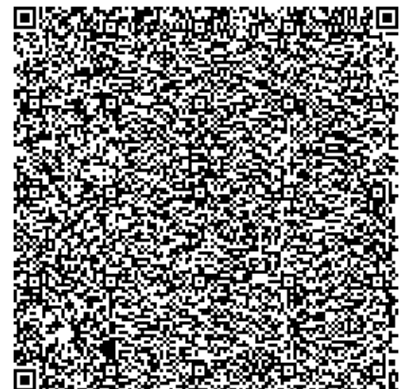
Fecha Reportada 02/05/2024

Firmicutes	Resultado	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	Intervalo de Referencia
<i>Streptococcus salivarius</i> ssp. <i>thermophilus</i>	0				▲				0
<i>Streptococcus</i> spp.	0				▲				0
<i>Veillonella</i> spp.	0				▲				0
Proteobacterias	Resultado	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	Intervalo de Referencia
Proteobacterias	+2						▲		0
<i>Enterobacteriaceae</i>	0				▲				0
<i>Escherichia</i> spp.	+2						▲		0
<i>Acinetobacter junii</i>	0				▲				0
Mycoplasmata	Resultado	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	Intervalo de Referencia
<i>Metamycoplasma hominis</i>	0				▲				0
Verrucomicrobiota	Resultado	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	Intervalo de Referencia
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0				▲				0



Información sobre la Abundancia del Microbioma:

- The GI360™ Microbiome Profile is a focused gut microbiota DNA analysis tool that identifies more than 45 targeted analytes across six phyla using a CE-marked multiplex PCR system. Patient results are compared to a highly defined normobiotic reference population (n > 1,100). The white shadowed web plot within the hexagonal diagram illustrates the degree to which an individual's microbiome profile deviates from normobiosis. The center of the diagram represents less bacterial abundance while the outer edges represent greater than normobiosis. Deviation from a hexagon-shaped plot indicates variant diversity of the microbial community. Key findings for patient's microbiome profile are summarized in the table below the diagram, and detailed results for all of the analytes are presented on the next 3 pages of the report. Detailed results for the specific bacteria are reported as -3 to +3 standard deviations, as compared to the normobiotic reference population.



Notas:

The gray-shaded area of the bar graph represents reference values outside the reporting limits for this test.

*Esta prueba fue desarrollada y sus características de rendimiento determinadas por Doctor's Data Laboratories de manera consistente con los requisitos de CLIA. La Administración de Drogas y Alimentos de los Estados Unidos (FDA) no ha aprobado ni autorizado esta prueba; sin embargo, actualmente no se requiere la autorización de la FDA para uso clínico. Los resultados no están destinados a ser utilizados como un único medio para el diagnóstico clínico o las decisiones de manejo del paciente.

Metodología: PCR multiplex



Orden: 999999-9999



Cliente #: 999999

Doctor: Sample Doctor, MD

Doctors Data Inc

123 Main St.

St. Charles, 60174 USA

Paciente: Sample Patient

Identificación: 999999

Edad: 55

Fecha de Nacimiento: 01/01/1968

Sexo: Female

Toma de Muestra

Fecha y hora

Fecha de Recolectado 15/04/2024

Fecha Recibida 25/04/2024

Fecha Reportada 02/05/2024

Introducción

Este análisis de muestra de heces proporciona información fundamental sobre la salud gastrointestinal general de un paciente. Cuando se detecta una microflora anormal o aberraciones significativas en los indicadores de salud intestinal, se presentan comentarios específicos. Si no se encuentran anomalías significativas, no se presentan comentarios.

Información sobre la Abundancia del Microbioma

Actinobacteria (phylum)

Actinobacteria es uno de los phyla bacterianos más grandes, compuesto por bacterias Gram-positivas. Este filo incluye una amplia gama de especies, con diferentes características morfológicas y fisiológicas. Los grupos significativos en el colon humano incluyen Actinomycetales y Bifidobacteriales. Los actinomycetales se asociaron inversamente con depresión clínicamente significativa en pacientes con IBS, lo que sugiere que estas bacterias pueden estar agotadas en pacientes con IBS deprimidos. Una dieta vegetariana estricta puede aumentar el recuento total de *Actinomyces* spp. en comparación con seguir una dieta occidental.

↓ Actinomycetales (orden)

Los actinomycetales se consideran colonizadores de baja abundancia del tracto gastrointestinal con residencia primaria en la piel. Se ha demostrado que la ingesta de fármacos inhibidores de la bomba de protones aumenta la abundancia de Actinomycetales en el intestino, posiblemente al reducir la acidez gástrica y permitir la colonización intestinal por microbios orales. Los actinomycetales pueden estar reducidos en pacientes con síndrome de intestino irritable deprimido. La abundancia de *Actinomyces* spp. se demostró que era mayor con una dieta vegetariana estricta en comparación con una dieta occidental común.

Bacteroidetes (phylum)

Los Bacteroidetes constituyen aproximadamente el 28% de la microbiota intestinal en adultos humanos sanos. Son colonizadores tempranos del intestino infantil y se encuentran entre los más estables, a nivel de especie y cepa, en el huésped. Se ha asociado una baja preponderancia de Bacteroidetes en relación con Firmicutes con la obesidad, aunque esta puede aumentar con la pérdida de peso y la ingesta calórica restringida.

↓ Alistipes (género)

Alistipes no contribuye significativamente a la producción de ácidos grasos de cadena corta. Una dieta rica en proteínas y grasas animales aumenta la abundancia de *Alistipes*. Se identificó una alta abundancia de *Alistipes* como un posible predictor de una pérdida de peso exitosa. La mayor abundancia de *Alistipes* se ha correlacionado con una mayor frecuencia de dolor en pacientes pediátricos con síndrome del intestino irritable. Por el contrario, *Alistipes onderdonkii* mostró una disminución en pacientes diagnosticados con colitis ulcerosa. Se ha observado una menor abundancia del género *Alistipes* en pacientes con artritis psoriásica y enfermedad de Crohn pediátrica. *Alistipes* puede tener una correlación positiva con la depresión.

↑ Prevotella (género)

Prevotella -la disbiosis rica se ha asociado con resistencia a la insulina, obesidad e hipertensión. Se ha demostrado que *Prevotella* disminuye significativamente en la enfermedad de Crohn y la enfermedad de Parkinson. Se ha demostrado que los altos niveles de fibra y carbohidratos de frutas y verduras en una dieta mediterránea aumentan la abundancia relativa de *Prevotella*.

↑ Bacteroides (especie)

Las especies del género *Bacteroides* llevan a cabo amplias funciones metabólicas, incluida la degradación de polisacáridos vegetales complejos, actividades proteolíticas, -conjugación de ácidos biliares, integridad de la barrera mucosa, producción de ácidos grasos de cadena corta, almacenamiento de ácidos grasos y metabolismo de la glucosa. *Bacteroides* spp. se mantienen en mayor abundancia en individuos amamantados hasta la edad adulta. *Bacteroides fragilis* juega un papel importante en la prevención de la inflamación intestinal. Se ha demostrado que una dieta con restricción energética aumenta *B. fragilis* en adolescentes con sobrepeso. Un aumento en *B. stercoris* se ha asociado con un mayor riesgo de cáncer de colon. Niveles reducidos de *Bacteroides* spp. se han notificado en asociación con esclerosis múltiple, artritis reumatoide y enfermedad de Parkinson.



Orden: 999999-9999



Cliente #: 999999

Doctor: Sample Doctor, MD

Doctors Data Inc

123 Main St.

St. Charles, 60174 USA

Paciente: Sample Patient

Identificación: 999999

Edad: 55

Fecha de Nacimiento: 01/01/1968

Sexo: Female

Toma de Muestra

Fecha y hora

Fecha de Recolectado 15/04/2024

Fecha Recibida 25/04/2024

Fecha Reportada 02/05/2024

Información sobre la Abundancia del Microbioma continued...

Firmicutes (filo)

El filo Firmicutes constituye el grupo más diverso y abundante de microbiota gastrointestinal que se agrupa en cuatro clases, Bacilos, Clostridios, Erysipelotrichia y Negativicutes. Constituyen aproximadamente el 39% de las bacterias intestinales en adultos sanos, pero pueden aumentar hasta un 80% en una comunidad microbiana desequilibrada.

↓ Dorea (género)

Dorea es un género dentro de la familia *Lachnospiraceae* que pertenece al filo Firmicutes. Se sabe que las especies de *Dorea* producen hidrógeno y dióxido de carbono como productos finales de la fermentación de glucosa y pueden estar asociadas con la hinchazón. Niveles reducidos de *Dorea* spp. se observaron en pacientes con enfermedad de Parkinson. Estudios recientes han identificado niveles elevados de *Dorea* spp. en pacientes diagnosticados de SII, hígado graso no alcohólico y esteatohepatitis no alcohólica, esclerosis múltiple y cáncer colorrectal.

↓ Faecalibacterium prausnitzii (especie)

Faecalibacterium prausnitzii es una de las bacterias productoras de butirato más abundantes en un tracto gastrointestinal sano. Como tal, *F. prausnitzii* es un factor protector de la mucosa intestinal y apoya funciones de barrera intestinal muy importantes. *F. prausnitzii* ejerce efectos antiinflamatorios a través de metabolitos como los ácidos grasos de cadena corta. *F. prausnitzii* se reduce en la enfermedad inflamatoria intestinal, síndrome del intestino irritable, enfermedad celíaca e inflamación gastrointestinal en general. Se reduce en pacientes diagnosticados con enfermedad de Parkinson, trastorno bipolar, cáncer colorrectal, diabetes y diarrea idiopática crónica. Niveles disminuidos de *F. prausnitzii* se encontraron en pacientes con trastorno depresivo mayor. La abundancia de *F. prausnitzii* junto con *E. coli* se ha propuesto como una herramienta de discriminación entre la colitis ulcerosa y la enfermedad de Crohn. *F. prausnitzii* se ha correlacionado con la obesidad pediátrica en casos de alto consumo de alimentos ricos en carbohidratos no absorbidos (plátano, maíz, arroz). Se ha demostrado que la inulina prebiótica aumenta la proporción de *F. prausnitzii* en la microbiota intestinal humana. Las dietas bajas en FODMAP se asocian con una disminución de *F. prausnitzii* y producción de butirato.

↑ Phascolarctobacterium (género)

Phascolarctobacterium pertenecen al filo Firmicutes. *Phascolarctobacterium* puede producir ácidos grasos de cadena corta, incluidos acetato y propionato, y puede estar asociado con efectos metabólicos y el estado mental del huésped. Los pacientes diagnosticados con trastorno depresivo mayor tenían niveles elevados de estas especies. Se encontró que los niveles reducidos de *Phascolarctobacterium* estaban asociados con la enfermedad de Crohn, la colitis ulcerosa y la enfermedad de Alzheimer. El consumo de verduras crucíferas, como el brócoli, aumenta la abundancia de *Phascolarctobacterium* en el intestino.

↑ Ruminococcus (género)

Los miembros de *Ruminococcus* sensu producen acetato, pero no butirato. *Ruminococcus gnavus*, como *Akkermansia muciniphila* es un especialista en degradación de mucina. Niveles más altos de *Ruminococcus* spp. se asociaron con enfermedad de hígado graso no alcohólico y esteatohepatitis no alcohólica. Niveles reducidos de *R. bromii* en pacientes con cirrosis biliar primaria. Aumento de la abundancia de *Ruminococcus* spp. se ha informado en el síndrome del intestino irritable (SII), mientras que *Ruminococcus* spp. se informa que disminuyen en abundancia con la enfermedad de Crohn y la colitis ulcerosa. Se ha descubierto que *Ruminococcus gnavus* se encuentra en mayor abundancia en el SII con predominio de diarrea. La ingesta de almidón resistente se ha asociado con niveles elevados de *R. bromii*, mientras que se descubrió que una dieta rica en proteínas y grasas animales reduce la abundancia de esta especie en el intestino humano.

↑ Streptococcus (género)

Mayor abundancia de *S. salivarius* y *S. thermophilus* (Firmicutes phylum) se han asociado con un curso de la enfermedad de moderada a grave en pacientes con colitis ulcerosa (CU) recién diagnosticada. Estos hallazgos concuerdan con un estudio que mostró que los pacientes con CU tienen un aumento significativo de *Streptococcus* spp. y el agotamiento de *Bifidobacterium* spp. Niveles más altos de *Streptococcus* spp. También se observaron en pacientes con cáncer colorrectal en comparación con controles sanos. La administración de *S. salivarius* junto con *Bifidobacterium bifidum* reducen la incidencia de diarrea aguda y excreción de rotavirus en los lactantes. *S. salivarius* y *S. thermophilus* también se utilizan ampliamente en productos lácteos como yogur y queso.



Orden: 999999-9999



Cliente #: 999999

Doctor: Sample Doctor, MD

Doctors Data Inc

123 Main St.

St. Charles, 60174 USA

Paciente: Sample Patient

Identificación: 999999

Edad: 55

Fecha de Nacimiento: 01/01/1968

Sexo: Female

Toma de Muestra

Fecha y hora

Fecha de Recolectado 15/04/2024

Fecha Recibida 25/04/2024

Fecha Reportada 02/05/2024

Información sobre la Abundancia del Microbioma continued...

Proteobacterias (filo)

Las proteobacterias incluyen una amplia variedad de patógenos, incluidas especies dentro de *Escherichia*, *Shigella*, *Salmonella*, *Vibrio* y *Helicobacter* géneros. El filo incluye una serie de especies que son residentes permanentes de la microbiota y capaces de inducir inflamación y diarrea inespecíficas cuando aumenta su presencia. Las proteobacterias constituyen aproximadamente el 2% de la microbiota intestinal en adultos sanos.

↑ Proteobacterias

Una dieta alta en grasas se asocia positivamente con una abundancia de Proteobacterias. Una abundancia ligeramente mayor de proteobacterias puede estar asociada con una inflamación de bajo grado. Las proteobacterias aumentan en la enfermedad inflamatoria intestinal y el síndrome del intestino irritable. Se ha asociado una mayor abundancia de proteobacterias con un curso de la enfermedad de moderada a grave en pacientes con colitis ulcerosa recién descubierta. Están asociados con diarrea en IBS.

↑ *Escherichia* (género)

Clínicamente, se ha informado que *Escherichia* contribuye al síndrome del intestino irritable. *Escherichia* spp. se recuperan comúnmente de tejidos inflamados de pacientes con enfermedad de Crohn y colitis ulcerosa. Se demostró que los pacientes con enfermedad inflamatoria intestinal no tratada tenían una mayor abundancia de *Escherichia* y una menor abundancia de *Faecalibacterium prausnitzii*. Se observaron niveles elevados de *Escherichia* en pacientes con cáncer colorrectal. Los pacientes diagnosticados con esteatohepatitis no alcohólica tienen una mayor abundancia de *Escherichia*. El consumo de una dieta occidental se asocia positivamente con los niveles de *Escherichia*. Niveles elevados de *E. coli* se observaron en personas con una dieta libre de gluten. Una cepa no patógena de *Escherichia*, *Escherichia nissle*, es un probiótico ampliamente utilizado para tratar enfermedades relacionadas con el intestino como el estreñimiento crónico.

Tenericutes (filo)

Tenericutes son bacterias sin pared celular que no sintetizan precursores de peptidoglicanos. Tenericutes consta de cuatro clados principales designados como los grupos *Acholeplasma*, *Spiroplasma*, *Pneumoniae* y *Hominis*. Los Tenericutes son típicamente parásitos o comensales de huéspedes eucariotas.

Verrucomicrobia (filo)

La verrucomicrobia es un filo menos común en la microbiota intestinal humana, pero con un reconocimiento cada vez mayor en lo que respecta a la salud. Verrucomicrobia incluye *Akkermansia muciniphila*. El anaerobio obligado *A. muciniphila* constituye el 3-5% del total de bacterias en un microbioma sano y tiene un papel protector o antiinflamatorio en la mucosa intestinal.