

## DISBIOSIS MICROBIANA INTESTINAL

### ESTUDIO SOLICITADO

El test de disbiosis microbiana intestinal es un test no invasivo de apoyo al diagnóstico de enfermedades intestinales que permite conocer el estado general de la microbiota intestinal, mediante la determinación de un panel de 15 marcadores microbianos en heces, pertenecientes a diferentes grupos funcionales (proteolítico, equilibrio, inmunoprotector, muconutritivo, proinflamatorio, metanogénico y levaduras).

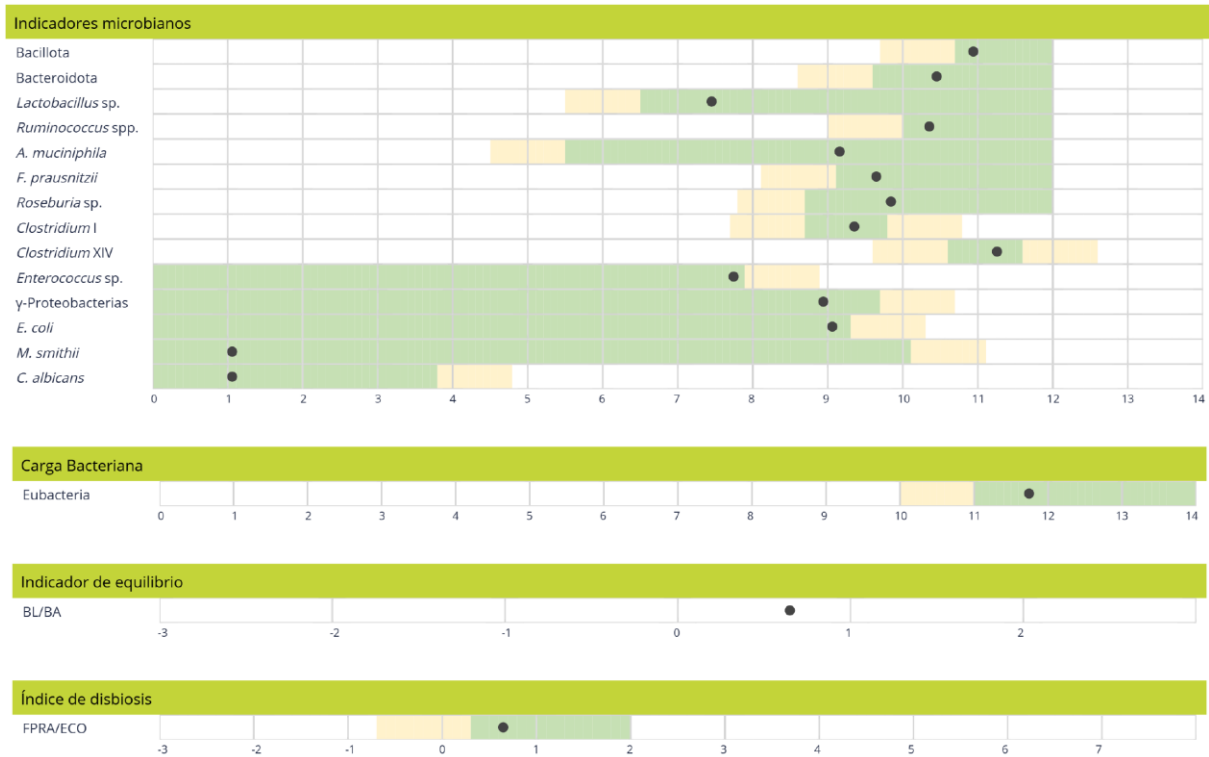
### RESULTADOS

Grupo Funcional		Grupo Filogenético	
O	Oportunista	GP	γ-Proteobacterias
P	Proteolítico	BL	Bacillota
E	Equilibrio	BA	Bacteroidota
I	Inmunoprotectora	VR	Verrucomicrobiales
HM	Homeostasis de la mucosa	CL	Clostridiales
PI	Proinflamatoria	MB	Metanobacteriales
PM	Productor de metano	AM	Ascomycetos

FUN	FIL	Especie/Taxon	UGN/g*		Valores guía
<b>Equilibrio</b>					
E	BL	Bacillota	1.01e+11	●	1.51e+11
E	BA	Bacteroidota	2.74e+10	●	1.71e+10
<b>Inmunoprotectora</b>					
I	FC	<i>Lactobacillus</i> sp.	2.78e+7	●	2.09e+07
<b>Homeostasis de la mucosa</b>					
HM	CL	<i>Ruminococcus</i> spp.	2.64e+10	●	3.24e+10
HM	VR	<i>A. muciniphila</i>	1.38e+9	●	5.42e+07
HM	CL	<i>F. prausnitzii</i>	5.03e+9	●	3.92e+09
HM	CL	<i>Roseburia</i> sp.	8.10e+9	●	4.03e+09
<b>Proteolítico</b>					
P	CL	<i>Clostridium</i> I	2.44e+9	●	1.84e+09
P	CL	<i>Clostridium</i> XIV	1.84e+11	●	1.24e+11
P	FC	<i>Enterococcus</i> sp.	6.04e+7	●	9.84e+06
<b>Proinflamatoria</b>					
PI	GP	γ-Proteobacterias	1.01e+9	●	1.11e+09
PI	GP	<i>E. coli</i>	1.08e+9	●	1.34e+08
<b>Metanogénicos</b>					
PM	MB	<i>M. smithii</i>	ND	●	3.32e+07
<b>Levaduras/Oportunistas</b>					
O	AM	<i>C. albicans</i>	ND	●	1.67e+03
<b>Carga Bacteriana</b>					
		Eubacterias	6.31e+11	●	3.11e+11
<b>Indicador de equilibrio</b>					
E	BL/BA	Relación BL/BA	0.57		0
<b>Índice de disbiosis</b>					
Disb		Relación FPRA/ECO	0.67	●	1.47 ± 1.21

\*Unidades genómicas normalizadas por gramo de materia fecal  
\*ND = No Detectado / \*NR = No Relevante



## INTERPRETACIÓN

Microbiota con un índice de disbiosis correcto. Relación BL/BA que, relativizada a una población sana de nuestra geografía, puede ser más común en una dieta occidental que suele tener un elevado contenido proteico.

## METODOLOGÍA

Extracción de ADN de la muestra de heces. Amplificación y cuantificación mediante qPCR de regiones genómicas específicas de los microorganismos objeto de este estudio: *Eubacteria*, *Escherichia coli*, *Faecalibacterium prausnitzii*, *Ruminococcus spp.*, *Akkermansia muciniphila*, *Methanobrevibacter smithii*, *Clostridium cluster I*, *Enterococcus sp.*, *Roseburia sp.*, *Clostridium cluster XIV*, *Gammaproteobacteria*, *Lactobacillus sp.*, *Bacillota*, *Bacteroidota* y *Candida albicans*. Los resultados se comparan con valores de referencia de una población sin sintomatología digestiva mediante la plataforma GoodGut Test™ para inferir el grado de desviación observado en cada marcador.

Castellón, 4 de diciembre de 2025

  
**Dr. D. Jesús Calderón**