
Metagenómica clínica

Biología molecular

INFORME AMC

MBIxxxxxxxxxx



PACIENTE:

Nº PACIENTE:

CENTRO:

FACULTATIVO PRESCRIPTOR:

CÓDIGO XENOGENE:

MUESTRA: HECES

RESULTADOS DEL INFORME AMC (% respecto a la muestra)

Parámetro	Valor [%]
ADN HUMANO	0,961 [%]
ADN BACTERIA	89,494 [%]
ADN PLÁSMIDOS	0,746 [%]
ADN ARCHAEA	0,017 [%]
ADN HONGOS	0,000 [%]
ADN PROTOZOOS	0,000 [%]
ADN METAZOOS	0,000 [%]
ADN ACYTOTA	8,781 [%]

BACTERIA (abundancia específica respecto al total de la muestra, dominio bacteria)

	[%]	Lecturas	Rango	Inferencia	Taxid
Phocaeicola vulgatus	10,574	192204	species	confiable	821
Bacteroides fragilis	4,169	75783	species	confiable	817
Bacteroides caccae	3,828	69585	species	confiable	47678
Bacteroides xylanisolvans	2,847	51750	species	confiable	371601
[Ruminococcus] gnavus	2,557	46488	species	confiable	33038
Dorea longicatena	2,366	43008	species	confiable	88431
Phocaeicola dorei	1,948	35402	species	confiable	357276
Bacteroides uniformis	1,815	32994	species	confiable	820
Parabacteroides merdae	1,650	29991	species	confiable	46503
Anaerostipes hadrus	1,624	29526	species	confiable	649756
Phascolarctobacterium faecium	1,381	25108	species	confiable	33025
Parabacteroides distasonis	1,253	22777	species	confiable	823
Thomasclavelia ramosa	1,223	22224	species	confiable	1547
Bacteroides cellulosilyticus	1,061	19293	species	confiable	246787
Paraprevotella clara	0,884	16068	species	confiable	454154
Odoribacter splanchnicus	0,735	13367	species	confiable	28118
Lachnospira eligens	0,634	11523	species	confiable	39485
Bacteroides ovatus	0,604	10979	species	confiable	28116
Escherichia coli	0,568	10330	species	confiable	562
Acidaminococcus intestini	0,527	9575	species	confiable	187327
Dorea formicigenerans	0,490	8912	species	confiable	39486
Alistipes finegoldii	0,430	7810	species	confiable	214856
Alistipes shahii	0,419	7624	species	confiable	328814
Eubacterium ventriosum	0,399	7254	species	confiable	39496
Collinsella aerofaciens	0,356	6463	species	confiable	74426
Coprococcus comes	0,355	6444	species	confiable	410072
Enterocloster bolteae	0,317	5769	species	confiable	208479
Paraprevotella xylaniphila	0,230	4175	species	confiable	454155
Ruthenibacterium lactatiformans	0,222	4034	species	confiable	1550024
Faecalibacterium prausnitzii	0,217	3948	species	confiable	853
Anaerobutyricum hallii	0,173	3142	species	confiable	39488
Flavonifractor plautii	0,162	2939	species	confiable	292800
[Clostridium] innocuum	0,155	2817	species	confiable	1522
Roseburia hominis	0,152	2755	species	confiable	301301
Blautia sp. SC05B48	0,147	2665	species	confiable	2479767
Bacteroides thetaiotaomicron	0,145	2627	species	confiable	818
Klebsiella pneumoniae	0,125	2267	species	confiable	573
Thomasclavelia spiroformis	0,115	2097	species	confiable	29348
Lawsonibacter asaccharolyticus	0,109	1980	species	confiable	2108523
Megasphaera massiliensis	0,100	1815	species	confiable	1232428
Streptococcus pasteurianus	0,090	1631	species	confiable	197614
[Clostridium] scindens	0,087	1578	species	confiable	29347
Hungatella hathewayi	0,084	1532	species	confiable	154046
Roseburia intestinalis	0,079	1445	species	confiable	166486
Dysosmobaacter welbionis	0,069	1254	species	confiable	2093857
Bacteroides faecis	0,060	1085	species	confiable	674529
Pusillibacter faecalis	0,057	1038	species	confiable	2714358
Alistipes onderdonkii	0,054	990	species	confiable	328813
Eggerthella lenta	0,052	947	species	confiable	84112
Blautia sp. NBRC 113351	0,052	944	species	confiable	2877527
Alistipes communis	0,046	828	species	confiable	2585118
Alistipes ihumii	0,045	809	species	confiable	1470347
Anaerotruncus colihominis	0,036	661	species	confiable	169435
Simiaoa sunii	0,034	622	species	confiable	2763672
Bacteroides luhongzhouii	0,031	566	species	confiable	2650158
Clostridium sp. SY8519	0,027	494	species	confiable	1042156

	[%]	Lecturas	Rango	Inferencia	Taxid
Klebsiella quasipneumoniae	0,027	486	species	confiable	1463165
Clostridioides difficile	0,026	470	species	confiable	1496
Faecalibacterium sp. IP-3-29	0,026	469	species	confiable	2929489
Bacteroides stercoris	0,023	423	species	confiable	46506
Intestinimonas butyriciproducens	0,023	416	species	confiable	1297617
Bacteroides caecimuris	0,023	414	species	confiable	1796613
Enterocloster asparagiformis	0,022	393	species	confiable	333367
Bacteroides salyersiae	0,021	383	species	confiable	291644
Faecalibacterium sp. I2-3-92	0,021	382	species	confiable	2929490
Bacteroides sp. D2	0,021	378	species	confiable	556259
Wujia chipingensis	0,020	371	species	confiable	2763670
Bacteroides faecium	0,019	346	species	confiable	2715212
Blautia argi	0,019	338	species	confiable	1912897
Bacteroides humanafaecis	0,019	337	species	confiable	2792859
Butyrivibrio crossotus	0,018	335	species	confiable	45851
Bacteroides sp. HF-162	0,018	335	species	confiable	2785531
Faecalibacterium sp. I3-3-89	0,018	333	species	confiable	2929493
Bacteroides sp. A1C1	0,017	316	species	confiable	2528203
Butyricimonas virosa	0,017	308	species	confiable	544645
Roseburia rectibacter	0,016	293	species	confiable	2763062
Bacteroides sp. CACC 737	0,016	287	species	confiable	2755405
Clostridium sp. C1	0,016	286	species	confiable	1155388
Faecalibacillus intestinalis	0,014	261	species	confiable	1982626
Parabacteroides johnsonii	0,014	251	species	confiable	387661
Wansuia hejianensis	0,013	243	species	confiable	2763667
Blautia producta	0,012	225	species	confiable	33035
Gordonibacter urolithinfaciens	0,011	206	species	confiable	1335613
Pseudomonas aeruginosa	0,011	198	species	confiable	287
Prevotella bivia	0,011	198	species	confiable	28125
Segatella copri	0,011	198	species	confiable	165179
Bacteroides zhangwenhongii	0,011	195	species	confiable	2650157
Faecalibacterium sp. I4-3-84	0,010	187	species	confiable	2929495
Phocaeicola coprophilus	0,009	166	species	confiable	387090
Blautia wexlerae DSM 19850	1,761	32002	strain	confiable	1121115
Blautia obeum ATCC 29174	0,540	9821	strain	confiable	411459
Alistipes shahii WAL 8301	0,419	7624	strain	confiable	717959
Anaerostipes hadrus ATCC 29173 = JCM 17467	0,273	4959	strain	confiable	649757
Paraprevotella xylaniphila YIT 11841	0,230	4175	strain	confiable	762982
Phocaeicola vulgatus ATCC 8482	0,206	3737	strain	confiable	435590
Alistipes finegoldii DSM 17242	0,171	3115	strain	confiable	679935
Thomasclavelia spiroformis DSM 1552	0,115	2097	strain	confiable	428126
Bacteroides uniformis CL03T12C37	0,086	1558	strain	confiable	997890
Bacteroides caccae CL03T12C61	0,065	1184	strain	confiable	997873
Alistipes ihumii AP11	0,045	809	strain	confiable	1211813
Collinsella aerofaciens ATCC 25986	0,039	715	strain	confiable	411903
Bacteroides fragilis CL03T12C07	0,038	695	strain	confiable	997879
Phocaeicola dorei CL03T12C01	0,035	637	strain	confiable	997877
[Clostridium] asparagiforme DSM 15981	0,022	393	strain	confiable	518636
Bacteroides stercoris ATCC 43183	0,020	357	strain	confiable	449673
[Ruminococcus] lactaris ATCC 29176	0,017	309	strain	confiable	471875
Parabacteroides distasonis ATCC 8503	0,017	308	strain	confiable	435591
Barnesiella viscericola DSM 18177	0,016	290	strain	confiable	880074
Bacteroides fragilis YCH46	0,012	215	strain	confiable	295405
Prevotella copri DSM 18205	0,011	198	strain	confiable	537011
Alistipes onderdonkii subsp. vulgaris	0,017	315	subspecies	confiable	2585117

PLÁSMIDOS

	[%]	Lecturas	Rango	Inferencia	Taxid
Plasmid pGS05	0,0010	19	species	confiable	2557
Plasmid pMccB17	0,0010	18	species	confiable	36543
Plasmid R64	0,0001	1	species	confiable	2492
Plasmid pSa	0,0001	1	species	confiable	2637

Plasmid R64: Resistencia a estreptomicina y tetraciclina aislado de *Salmonella enterica* serovar *Typhimurium* pertenece al grupo de incompatibilidad I1 (Incl1).

Plasmid pGS05: Portar el gen *sullI*, que confiere resistencia a los antibióticos sulfonamidas (Mafenida, Sulfacetamida, Sulfadiazina, Sulfadoxina, Sulfametizol, Sulfametoazol, Sulfanilamida, Sulfasalazina, Sulfisoxazol.)

Plasmid pMccB17: Plásmido conjugativo que codificar la producción de una bomba de eflujo de múltiples fármacos. Confiere resistencia a fluoroquinolonas, tetraciclinas y aminoglucósidos.

ARCHAEA (abundancia específica respecto al total de la muestra, dominio archaea)

	[%]	Lecturas	Rango	Inferencia	Taxid
uncultured archaeon	0,006	116	species	confiable	115547
Methanobrevibacter smithii	0,002	35	species	confiable	2173

FUNGI (abundancia específica respecto al total de la muestra, dominio hongos)

[%]	Lecturas	Rango	Inferencia	Taxid
-----	----------	-------	------------	-------

PROTOZOA (abundancia específica respecto al total de la muestra, dominio protozoos)

[%]	Lecturas	Rango	Inferencia	Taxid
-----	----------	-------	------------	-------

METAZOA (abundancia específica respecto al total de la muestra, dominio metazoo)

[%]	Lecturas	Rango	Inferencia	Taxid
-----	----------	-------	------------	-------

ACYTOTA (abundancia específica respecto al total de la muestra, dominio acytota)

	[%]	Lecturas	Rango	Inferencia	Taxid
Siphoviridae sp.	2,746	49918	species	confiable	2170413
Myoviridae sp.	1,977	35928	species	confiable	2202564
uncultured human fecal virus	0,939	17067	species	confiable	239364
Podoviridae sp.	0,383	6969	species	confiable	2202567
Bacteriophage sp.	0,291	5289	species	confiable	38018
Caudovirales sp.	0,105	1907	species	confiable	2202568
Inoviridae sp.	0,062	1135	species	confiable	2219103
Bacteroides phage LoVEphage	0,060	1091	species	confiable	2831678
Microviridae sp.	0,053	969	species	confiable	2202644
Siphoviridae sp. ctCCX1	0,044	799	species	confiable	2823567
CrAss-like virus sp.	0,032	588	species	confiable	2831617
Siphoviridae sp. ctfEV1	0,026	473	species	confiable	2826417
Bacteroides phage p00	0,020	358	species	confiable	2306278
Siphoviridae sp. ctPB44	0,018	325	species	confiable	2827274
Siphoviridae sp. ctPAi1	0,014	261	species	confiable	2826320
Myoviridae sp. ctcaJ26	0,014	252	species	confiable	2825138
Caudovirales sp. ct0YK8	0,012	214	species	confiable	2826764
Myoviridae sp. ctaJ52	0,010	183	species	confiable	2825134



TÉCNICA UTILIZADA: Análisis Metagenómico Clínico (AMC), test realizado mediante metagenómica, con secuenciación completa de última generación.

REFERENCIAS:

Fdo.:

COBA:

ANEXO

Este anexo describe la columna inferencia del informe de análisis metagenómico.

Dada la naturaleza estocástica de la clasificación de organismos y estimación de su abundancia en la muestra obtenida de pacientes que suelen presentar clínicas complejas, hemos incorporado una columna adicional donde se expone la valoración de un procedimiento de inteligencia artificial como apoyo en la toma de decisiones del facultativo prescriptor del ensayo.

Esta valoración puede presentar las siguientes etiquetas:

- confiable:

Indica la presencia, en el momento actual, del organismo encontrado. Un procedimiento de ensamblaje de las secuencias genéticas presentes en la muestra podría permitir la recuperación de su genoma de forma total o parcial e incluso, si el organismo es cultivable (según las disponibilidades de la tecnología actual) podría cultivarse.

- neutral:

En este caso, la inteligencia artificial se inhibe de valorar la clasificación obtenida; esto sucede porque la línea del informe está mostrando algún rango de la clasificación taxonómica distinta de especie o cepa. También sucede cuando la clasificación y la estimación de la abundancia, en esa línea, no presenta ninguna característica más allá de su clasificación y un cálculo de su abundancia dentro de los límites de precisión adecuados.

- posible:

Nos encontramos con detecciones en las que no es posible recuperar su genoma completo, aunque se hayan clasificado correctamente; o bien su estimación de la abundancia no concuerda con los rigurosos controles de precisión exigidos en nuestros análisis.

RECOMENDAMOS, en este caso, que sea la **VALORACIÓN** de la **CLÍNICA** que presenta el paciente la que determine la aceptación de estas detecciones como responsables de la patología que presenta el paciente. En el caso de que NO CONCUERDE, simplemente, puede ser descartado.