

---

**Metagenómica clínica**

***Biología molecular***

---

**INFORME RESUMEN**  
MBIxxxxxxxxxx

---



**PACIENTE:**

**Nº PACIENTE:**

**CENTRO:**

**FACULTATIVO PRESCRIPTOR:**

**CÓDIGO XENOGENE:**

**MUESTRA:** HECES

## INFORME RESUMIDO DE METAGENOMICA FECAL

Nº de secuencias: 1817754

Parámetro	Valor [%]
ADN BACTERIA	89,49 [%]
ADN ARCHAEA	0,02 [%]
ADN ACYTOTA	8,78 [%]
ADN HUMANO	0,96 [%]
ADN PLASMIDOS	0,75 [%]

### RESUMEN REINO BACTERIAS (% respecto a dominio bacteria)

El número de especies es: 545, (Biodiversidad: Aceptable)

#### - Filos con abundancia significativa:

Bacteroidota	(antes Bacteroidetes)	67,949 [%]	20 - 40	Alto
Bacillota	(antes Firmicutes)	24,428 [%]	50 - 65	Bajo
Pseudomonadota	(antes Proteobacterias)	8,045 [%]	1 - 5	Alto
Actinomycetota	(antes Actinomycetas)	0,536 [%]	2 - 5	Bajo
Verrucomicrobiota	(antes Verrucomicrobias)	0,009 [%]	2 - 5	Bajo

#### - Especies bacterianas con inferencia confiable más abundantes:

Phocaeicola vulgatus	10,574
Bacteroides fragilis	4,169
Bacteroides caccae	3,828
Bacteroides xylanisolvens	2,847
[Ruminococcus] gnavus	2,557
Dorea longicatena	2,366
Phocaeicola dorei	1,948
Bacteroides uniformis	1,815
Blautia wexlerae DSM 19850	1,761
Parabacteroides merdae	1,650
Anaerostipes hadrus	1,624
Phascolarctobacterium faecium	1,381
Parabacteroides distasonis	1,253
Thomasclavelia ramosa	1,223
Bacteroides cellulosilyticus	1,061

La suma de las tres primeras especies supone el 18,57 del reino bacteria

#### - Géneros y especies bacterianas sobrecidos no patógenas:

Bacteroides fragilis	4,169 % (confiable)
[Ruminococcus] gnavus	2,557 % (confiable)
Dorea longicatena	2,366 % (confiable)
Klebsiella	1,947 (neutral)
Paraprevotella clara	0,884 % (confiable)

#### - Especies patógenas sobrecrecidas con inferencia confiable:

[Clostridium] innocuum	0,155 % (confiable)
Klebsiella pneumoniae	0,125 % (confiable)
Streptococcus pasteurianus	0,090 % (confiable)

+ Se han encontrado cepas patógenas de E. coli con inferencia confiable y tasa prácticamente inexistente.

- No se aprecia especies orales sobrecrecidas con inferencia confiable

- **Especies y generos bacterianos relevantes:**

Akkermansia muciniphila 0,008 %  
Anaerostipes hadrus 1,815 %  
Bifidobacterium 0,003 %  
Coprococcus 0,399 %  
Enterococcus 0,104 %  
Enterococcus casseliflavus 0,002 %  
Enterococcus faecalis 0,003 %  
Enterococcus faecium 0,006 %  
Enterococcus innesii 0,002 %  
Enterococcus saigonensis 0,003 %  
Enterococcus sp. FDAARGOS\_375 0,001 %  
Lachnospira eligens 0,708 %  
Ligilactobacillus 0,005 %  
Ligilactobacillus ruminis 0,002 %  
Ligilactobacillus salivarius 0,003 %  
Prevotella 0,018 %  
Roseburia hominis 0,169 %  
Roseburia intestinalis 0,089 %  
Streptococcus 0,175 %  
  
Faecalibacterium 1,278 %  
Faecalibacterium prausnitzii 0,243 %  
Alistipes 1,288 %

- **Funcionalidades:**

MICROBIOTA METABOLICAS/ENERGETICAS 37,412 [%] (20 - 55)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE GABA 36,642 [%] (5 - 31)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE SUCCINATO 32,200 [%] (11 - 40)  
MICROBIOTA CONSUMIDORA DE MOCO INTESTINAL 26,984 [%] (3 - 25)  
MICROBIOTA METABOLIZADORA DE LAS SALES BILIARES 22,093 [%] (4 - 25)  
MICROBIOTA CON FUNCIÓN PROTEOLÍTICA 21,989 [%] (7 - 25)  
MICROBIOTA FORMADORA DEL ESTROBOLOMA 19,264 [%] (6 - 20)  
MICROBIOTA PRODUCTORAS DEL INDOL 15,021 [%] (0 - 24)  
MICROBIOTA INMUNOMODULADORA 10,840 [%] (8 - 25)  
MICROBIOTA MUCONUTRITIVA PRODUCTORA DE BUTIRATO 6,215 [%] (20 - 50)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE SULFURO DE HIDRÓGENO 4,938 [%] (0 - 5)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE TRYPTAMINA 3,314 [%] (0 - 20)  
MICROBIOTA PROTECTORA Y DE CONTENCIÓN 2,349 [%] (6 - 25)  
METABOLISMO DE LAS ISOFLAVONAS (S-EQUOL). MICROBIOTA CONSUMIDORA 2,209 [%] (1 - 6)  
MICROBIOTA CONSUMIDORA DE SUCCINATO 1,724 [%] (1 - 10)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE ETANOL 1,315 [%] (0 - 4)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE QUINOLINATO 1,035 [%] (0 - 5)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE AMINAS BIOGÉNICAS (HISTAMINA) 0,807 [%] (0 - 2)  
METABOLISMO DE LAS ISOFLAVONAS (S-EQUOL). MICROBIOTA PRODUCTORA 0,769 [%] (1 - 10)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE ÁCIDO INDOL PROPIÓNICO (IPA) 0,635 [%] (0 - 1)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE TRIMETILAMINA 0,209 [%] (0 - 6)  
METABOLISMO DE LA SEROTONINA POR LA MICROBIOTA INTESTINAL 0,176 [%] (1 - 4)  
MICROBIOTA REGULADORA DEL MOCO INTESTINAL 0,170 [%] (3 - 10)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE ÁCIDO INDOL ACÉTICO (IAA) 0,031 [%] (0 - 1)  
MICROBIOTA CONSUMIDORA DE GABA 0,012 [%] (1 - 4)  
MICROBIOTA PRODUCTORA DE QUINURENINA 0,000 [%] (0 - 3)

MICROBIOTA DOMINIO ARCHAEA PRODUCTORA DE METANO [%] ( 0 - 0.4 )

### **RESUMEN DEL RESTO DEL ENSAYO**

- Se han encontrado Archaeas confiables en la muestra (% respecto dominio Archaeas). Destacan:
  - Methanobrevibacter smithii 11,48 %
  - Methanobrevibacter sp. AbM4 0,66 %
- No se han encontrado Hongos con inferencia confiable en la muestra y tasa por encima de su rango.
- No se han encontrado Protozoos con inferencia confiable en la muestra y tasa por encima de su rango.
- No se han encontrado Metazoos con inferencia confiable en la muestra y tasa por encima de su rango.

### **FAGOS CON ABUNDANCIA SIGNIFICATIVA EN ACYTOTA (% respecto a dominio de acytota)**

Siphoviridae sp.	31,273 [%]	0 - 0.01
Myoviridae sp.	22,508 [%]	0 - 0.01
uncultured human fecal virus	10,692 [%]	0 - 0.01
Podoviridae sp.	4,366 [%]	0 - 0.01
Bacteriophage sp.	3,313 [%]	0 - 0.01
Caudovirales sp.	1,195 [%]	0 - 0.01
Inoviridae sp.	0,711 [%]	0 - 0.01
Microviridae sp.	0,607 [%]	0 - 0.01
CrAss-like virus sp.	0,368 [%]	0 - 0.01
Bacteroides phage p00	0,224 [%]	0 - 0.01

- Se han hallado los siguientes plásmidos confiables con 10 lecturas o más:

**Plasmid pGS05:** Portar el gen *sullI*, que confiere resistencia a los antibióticos sulfonamidas (Mafenida, Sulfacetamida, Sulfadiazina, Sulfadoxina, Sulfametizol, Sulfametoxazol, 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.