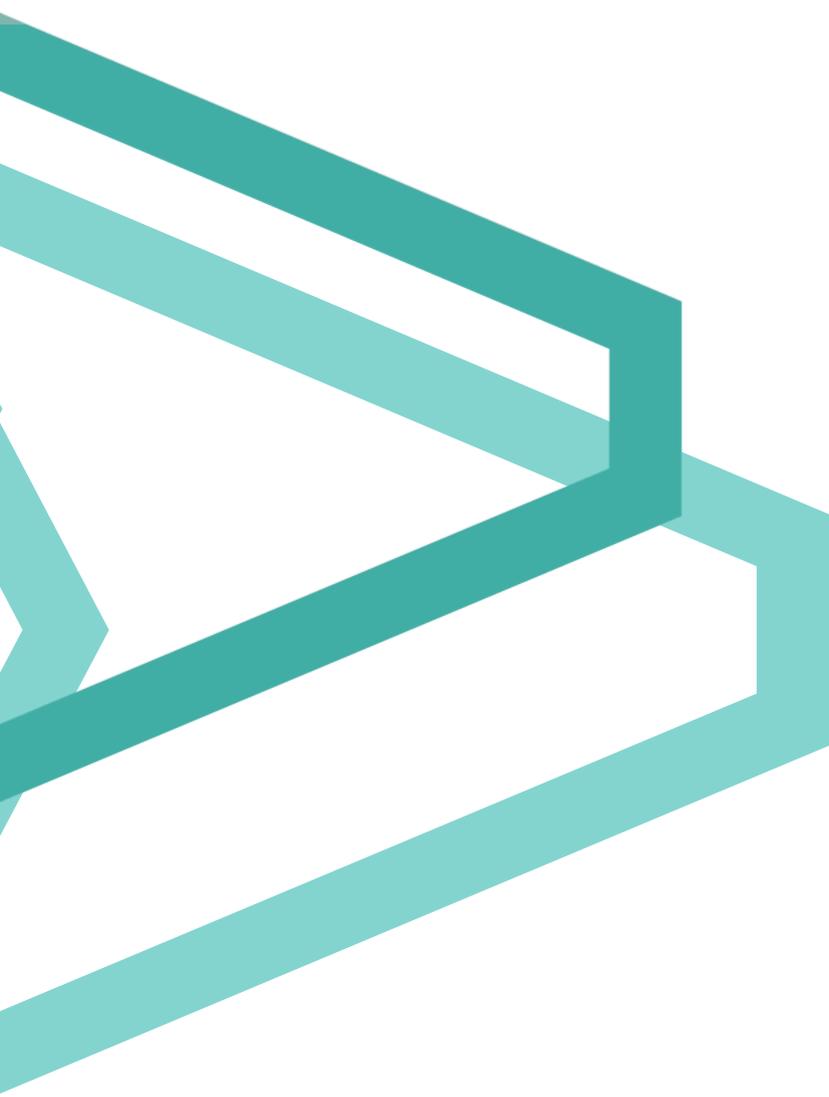


DATS▶ME



microbio ▶ME

INFORME DE RESULTADOS

1 Introducción

MyMicrobiome proporciona una visión global del estado de la microbiota del usuario en relación a la base de datos CLOM (CLustering Of Microbiomes). Dicha base de datos es el resultado de la investigación del proyecto *Agrupamiento global de perfiles de microbiomas y herramienta de búsqueda de comunidades* financiado por el *Ministerio de Ciencia e Innovación - Proyectos I+D+i Pruebas de Concepto 2022*. La base de datos CLOM recoge datos fenotípicos y perfiles de microbiota gastrointestinal de miles de muestras de microbiota gastrointestinal ya publicadas. El informe de resultados se basa en el estudio del fenotipo del paciente y de su perfil microbiano en la base de datos CLOM.

Los perfiles microbianos de miles de muestras fecales humanas almacenadas en la base de datos CLOM, junto a la aplicación de métodos matemáticos, han permitido desarrollar un CLASIFICADOR DE PERFILES DE MICROBIOTA único, que ubica a la persona en uno de los tipos de comunidad bacteriana existente. La versión actual de la base de datos CLOM, arroja hasta 12 perfiles de comunidades (1-12).

Recurriendo a la literatura biomédica se correlaciona cada perfil como eventuales FACTORES DE RIESGO o PROTECCIÓN frente a enfermedades tales como varios tipos de CÁNCER, DIABETES, ENFERMEDADES INTESTINALES y AUTOINMUNES.

El informe de resultados MyMicrobiome reporta sobre:

- el perfil de la comunidad microbiana de la persona entre los 12 perfiles de CLOM;
- los principales datos fenotípicos de la persona;
- la diversidad de la microbiota específica de la persona, indicando así mismo las funciones potenciales de los grupos microbianos encontrados.

El perfil de la microbiota definido en este análisis se ha obtenido aplicando métodos y filtros de calidad estrictos para garantizar la máxima fiabilidad de los resultados.

Se suministran tres tipologías de resultados:

- datos resumidos relativos a la comunidad microbiana a la que se ajusta el perfil de la persona;
- valores relativos a la persona;
- valores de referencia: **al no existir un consenso en los valores de referencia**, en este informe se calculan los valores de referencia considerando las distribuciones de los perfiles procedentes de individuos sanos almacenados en la base de datos CLOM.

Datos de identificación del test

ID TEST : TEST-ID
 Fecha : YYYY-MM-DD
 Edad (Años) : 45
 Sexo (H/M) : Mujer
 Altura (cm) : 162
 Peso (Kg) : 41
 IMC : 15.6 (bajopeso)

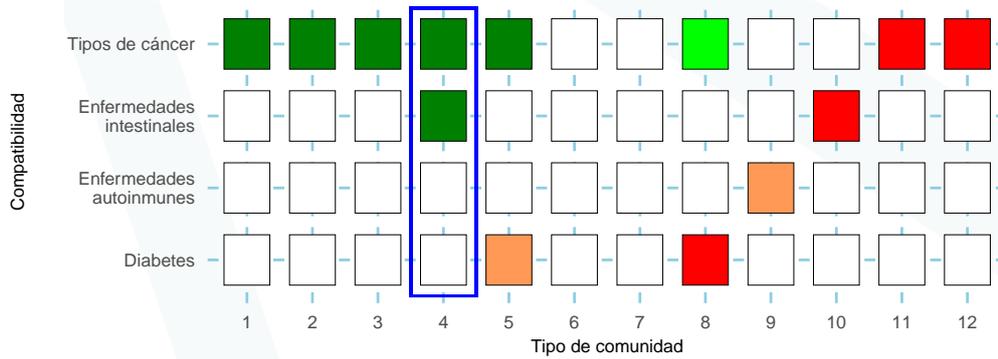
PERFIL DE TU MICROBIOTA

IMPORTANTE: Este resultado representa una guía informativa en base a datos probabilísticos de asociación de cada perfil y enfermedad. - **POR TANTO NO ES UN DIAGNÓSTICO CLÍNICO** -
 Tu comunidad es la **4**.
 MAYOR PROTECCIÓN FRENTE A CÁNCER
 MAYOR PROTECCIÓN FRENTE A ENFERMEDADES INTESTINALES

CORRELACIÓN

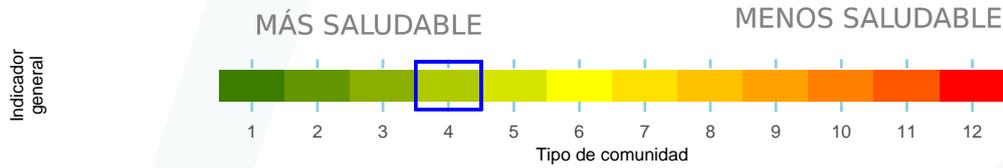
Perfil / Patología (base de datos CLOM)

Protección ← → Riesgo



CORRELACIÓN

Estado de salud definido por la base de datos CLOM



Datos de identificación del test

ID TEST : TEST-ID
Fecha : YYYY-MM-DD
Edad (Años) : 45
Sexo (H/M) : Mujer
Altura (cm) : 162
Peso (Kg) : 41
IMC : 15.6 (bajopeso)

ÍNDICES DE DIVERSIDAD. Los índices de diversidad ofrecen una medida de la estructura de la población microbiana de la muestra analizada.

TUS RESULTADOS

Índices de diversidad

Géneros esperados (CHAO1)	(66.88 - 69.7)	53.00	↓
Géneros observados	(66.88 - 69.69)	53.00	↓
Diversidad de Shannon	(2.52 - 2.58)	2.31	↓
Dominancia (Simpson)	(0.81 - 0.82)	0.77	↓
Ratio Firmicutes/Bacte roidota)	(2.76 - 11.78)	0.87	↓

Valores de referencia. Los valores de referencia se han establecido en función de todas las muestras de individuos sanos almacenadas en la base de datos CLOM. Este resultado es indicativo par entender la estrucutra de tu microbiota y no tiene asociación directa a un eventual estado patológico.

↑: Valores por encima de la referencia.

↔: Valores en el entorno de la referencia.

↓: Valores por debajo de la referencia.

Datos de identificación del test

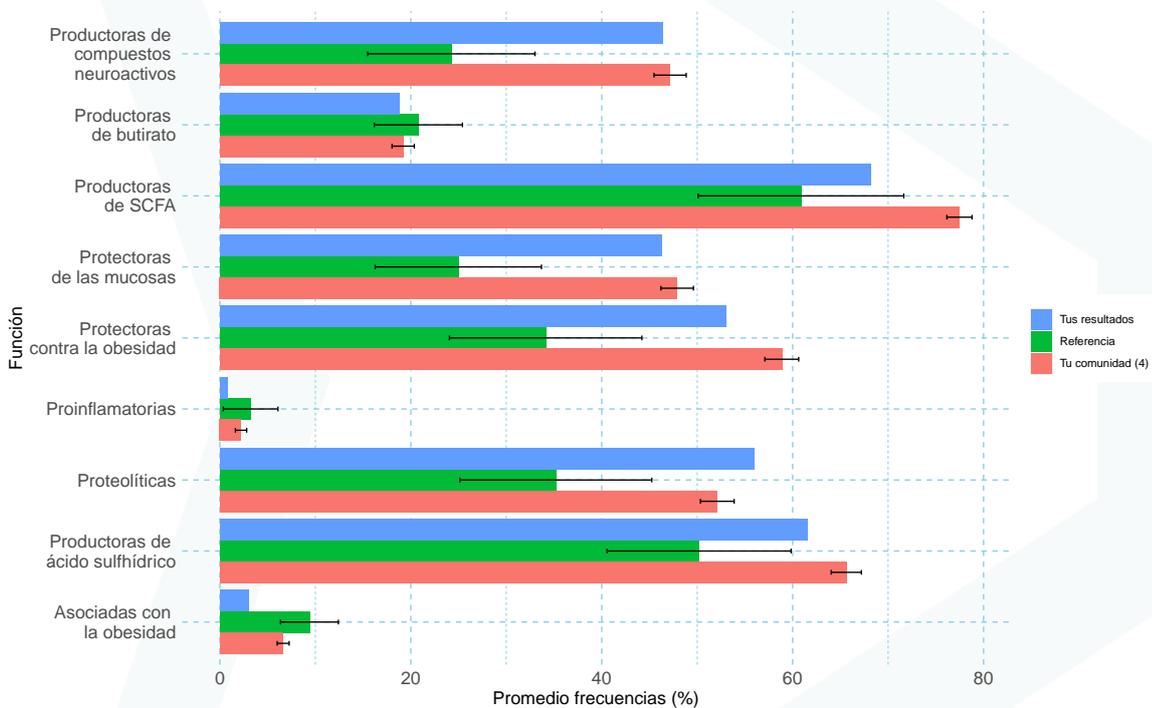
ID TEST	: TEST-ID
Fecha	: YYYY-MM-DD
Edad (Años)	: 45
Sexo (H/M)	: Mujer
Altura (cm)	: 162
Peso (Kg)	: 41
IMC	: 15.6 (bajopeso)

DISTRIBUCIÓN DE FUNCIONES

Se presentan las funciones potenciales cubiertas por la microbiota del usuario comparadas con los valores promedios de los individuos sanos almacenados en la base de datos CLOM. Este resultado es indicativo par entender la estrucutra de tu microbiota y **no tiene asociación directa a un eventual estado patológico**
 Tu comunidad es la **4**.

TUS RESULTADOS

Perfil / Función (base de datos CLOM)



Leyendas. La longitud de cada barras representa las frecuencias acumulada de cada función en de:

- la muestra del usuario,
- el promedio de los individuos sanos de la base de datos CLOM,
- el promedio de los individuos sanos del tipo de comunidad a la que se asocia el usuario.

Se reportan también los intervalos de confianza de los datos promedios (Referencia y Tu comunidad).

Datos de identificación del test

ID TEST	: TEST-ID
Fecha	: YYYY-MM-DD
Edad (Años)	: 45
Sexo (H/M)	: Mujer
Altura (cm)	: 162
Peso (Kg)	: 41
IMC	: 15.6 (bajopeso)

PERFIL FUNCIONAL. Se presentan las funciones potenciales cubiertas por la microbiota del usuario.

Leyendas. Las escalas de colores representan las frecuencias de cada organismo cubriendo una determinada función.

TUS RESULTADOS

Perfil / Función (base de datos CLOM)



Datos de identificación del test

ID TEST	: TEST-ID
Fecha	: YYYY-MM-DD
Edad (Años)	: 45
Sexo (H/M)	: Mujer
Altura (cm)	: 162
Peso (Kg)	: 41
IMC	: 15.6 (bajopeso)

Funciones. Aquí se muestran los generos bacterianos y su representación en las funciones más importante de tu microbiota. Una estrella (tercera columna) indica que el género pertenece a los TOP 30.

Valores de referencia. Los valores de referencia se han establecido en función de todas las muestras de individuos sanos almacenadas en la base de datos CLOM.

Protectoras de las mucosas

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Bacteroidaceae_Bacteroides	*	(22.4-24.3)	46.28	↑

Productoras de SCFA

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Erysipelotrichales_Erysipelatoclostridiaceae_Erysipelatoclostridium		(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Lactobacillales_Enterococcaceae_Enterococcus		(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Bacteroidaceae_Bacteroides	*	(22.4-24.3)	46.28	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Rikenellaceae_Alistipes		(0.5-0.8)	0.10	↓
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Tannerellaceae_Parabacteroides	*	(0.9-1.2)	1.47	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Clostridiales_Clostridiaceae_Clostridium_sensu_stricto_1	*	(0-0.1)	3.77	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Eubacteriales_Eubacteriaceae_Eubacterium		(0-0)	0.05	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Anaerostipes		(0.8-1.1)	0.13	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Blautia	*	(4.4-5)	1.89	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Coprococcus	*	(0.2-0.4)	1.40	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Dorea	*	(0.5-0.6)	1.39	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnoclostridium	*	(0.3-0.4)	3.47	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Roseburia		(0.8-1)	0.14	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Butyricoccaceae_Butyricoccus	*	(0.4-0.4)	0.40	↔
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Flavonifractor	*	(0-0)	0.57	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Intestinimonas	*	(0-0)	0.48	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Oscillibacter	*	(0-0.1)	0.72	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Faecalibacterium	*	(6.3-7)	5.25	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Ruminococcus		(0.1-0.2)	0.01	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Subdoligranulum	*	(1.4-1.6)	0.35	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_UBA1819	*	(0-0)	0.21	↑

Productoras de butirato

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Clostridiales_Clostridiaceae_Clostridium_sensu_stricto_1	*	(0-0.1)	3.77	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Eubacteriales_Eubacteriaceae_Eubacterium		(0-0)	0.05	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Anaerostipes		(0.8-1.1)	0.13	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Blautia	*	(4.4-5)	1.89	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Coprococcus	*	(0.2-0.4)	1.40	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnoclostridium	*	(0.3-0.4)	3.47	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Roseburia		(0.8-1)	0.14	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Butyricoccaceae_Butyricoccus	*	(0.4-0.4)	0.40	↔
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Flavonifractor	*	(0-0)	0.57	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Intestinimonas	*	(0-0)	0.48	↑

(continued)

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Oscillibacter	*	(0-0.1)	0.72	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Faecalibacterium	*	(6.3-7)	5.25	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Subdoligranulum	*	(1.4-1.6)	0.35	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_UBA1819	*	(0-0)	0.21	↑

Productoras de compuestos neuroactivos

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Lactobacillales_Enterococcaceae_Enterococcus		(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Bacteroidaceae_Bacteroides	*	(22.4-24.3)	46.28	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Eubacteriales_Eubacteriaceae_Eubacterium		(0-0)	0.05	↑

Protectoras contra la obesidad

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Bacteroidaceae_Bacteroides	*	(22.4-24.3)	46.28	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Tannerellaceae_Parabacteroides	*	(0.9-1.2)	1.47	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Faecalibacterium	*	(6.3-7)	5.25	↓

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Enterobacteriales_Enterobacteriaceae_Enterobacter	*	(0-0)	0.73	↑
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Pasteurellales_Pasteurellaceae_Haemophilus		(0-0)	0.04	↑

Proteolíticas

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Erysipelotrichales_Erysipelatoclostridiaceae_Erysipelatoclostridium		(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Lactobacillales_Enterococcaceae_Enterococcus		(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Bacteroidaceae_Bacteroides	*	(22.4-24.3)	46.28	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Rikenellaceae_Alistipes		(0.5-0.8)	0.10	↓
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Tannerellaceae_Parabacteroides	*	(0.9-1.2)	1.47	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Clostridiales_Clostridiaceae_Clostridium_sensu_stricto_1	*	(0-0.1)	3.77	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Eubacteriales_Eubacteriaceae_Eubacterium		(0-0)	0.05	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnoclostridium	*	(0.3-0.4)	3.47	↑
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Enterobacteriales_Enterobacteriaceae_Enterobacter	*	(0-0)	0.73	↑

Productoras de ácido sulfhídrico

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES %	
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Erysipelotrichales_Erysipelatoclostridiaceae_Erysipelatoclostridium		(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Lactobacillales_Enterococcaceae_Enterococcus		(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Bacteroidaceae_Bacteroides	*	(22.4-24.3)	46.28	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Rikenellaceae_Alistipes		(0.5-0.8)	0.10	↓
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Tannerellaceae_Parabacteroides	*	(0.9-1.2)	1.47	↑

(continued)

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES	
			%	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Eubacteriales_Eubacteriaceae_Eubacterium		(0-0)	0.05	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Anaerostipes		(0.8-1.1)	0.13	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Blautia	*	(4.4-5)	1.89	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Dorea	*	(0.5-0.6)	1.39	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Hungatella	*	(0-0)	2.08	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnoclostridium	*	(0.3-0.4)	3.47	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Roseburia		(0.8-1)	0.14	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Flavonifractor	*	(0-0)	0.57	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Oscillibacter	*	(0-0.1)	0.72	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Ruminococcus		(0.1-0.2)	0.01	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Peptostreptococcales-Tissierellales_Peptostreptococcaceae_Intestinibacter	*	(0-0)	2.07	↑
Bacteria_Desulfobacterota_Desulfovibrionia_Desulfovibrionales_Desulfovibrionaceae_Bilophila	*	(0-0.1)	0.34	↑
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Enterobacteriales_Enterobacteriaceae_Enterobacter	*	(0-0)	0.73	↑
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Pasteurellales_Pasteurellaceae_Haemophilus		(0-0)	0.04	↑

Asociadas con la obesidad

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Top30	Referencia	TUS VALORES	
			%	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Blautia	*	(4.4-5)	1.89	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Ruminococcus		(0.1-0.2)	0.01	↓
Bacteria_Desulfobacterota_Desulfovibrionia_Desulfovibrionales_Desulfovibrionaceae_Bilophila	*	(0-0.1)	0.34	↑
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Enterobacteriales_Enterobacteriaceae_Enterobacter	*	(0-0)	0.73	↑

Datos de identificación del test

ID TEST : TEST-ID
Fecha : YYYY-MM-DD
Edad (Años) : 45
Sexo (H/M) : Mujer
Altura (cm) : 162
Peso (Kg) : 41
IMC : 15.6 (bajopeso)

TOP30. Aquí se muestran los 30 géneros más abundantes en tu microbiota.

Valores de referencia. Los valores de referencia se han establecido en función de todas las muestras de individuos sanos almacenadas en la base de datos CLOM.

Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Bacteroidaceae_Bacteroides	(22.4-24.3)	46.28	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnospira	(0.3-0.5)	9.02	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Faecalibacterium	(6.3-7)	5.25	↓	
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Enterobacterales_Enterobacteriaceae__	(0-0.2)	5.02	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae__	(1.4-1.6)	3.79	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Clostridiales_Clostridiaceae_Clostridium_sensu_stricto_1	(0-0.1)	3.77	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnoclostridium	(0.3-0.4)	3.47	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_(Ruminococcus)_gnavus_group	(0-0.2)	2.37	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Hungatella	(0-0)	2.08	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Peptostreptococcales_Tissierellales_Peptostreptococcaceae_Intestinibacter	(0-0)	2.07	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Blautia	(4.4-5)	1.89	↓	
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Prevotellaceae_Paraprevotella	(0-0)	1.64	↑	

(continued)

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Referencia sanos CLOM	TUS VALORES %		top30
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Tannerellaceae_Parabacteroides	(0.9-1.2)	1.47	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Colidextribacter	(0-0)	1.46	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Coprococcus	(0.2-0.4)	1.40	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Dorea	(0.5-0.6)	1.39	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Fusicatenibacter	(0.7-0.9)	0.76	↔	
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Enterobacteriales_Enterobacteriaceae_Enterobacter	(0-0)	0.73	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Oscillibacter	(0-0.1)	0.72	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Flavonifractor	(0-0)	0.57	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Intestinimonas	(0-0)	0.48	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnospiraceae_ND3007_group	(0-0.1)	0.41	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Butyricicoccaceae_Butyricoccus	(0.4-0.4)	0.40	↔	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Subdoligranulum	(1.4-1.6)	0.35	↓	
Bacteria_Desulfobacterota_Desulfovibrionia_Desulfovibrionales_Desulfovibrionaceae_Bilophila	(0-0.1)	0.34	↑	
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Marinifilaceae_Butyricimonas	(0-0)	0.33	↑	
Bacteria_Actinobacteriota_Coriobacteriia_Coriobacteriales_Eggerthellaceae_Eggerthella	(0-0)	0.29	↑	

(continued)

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Referencia sanos CLOM	TUS VALORES %		top30
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Burkholderiales_Sutterellaceae_Sutterella	(0.2-0.4)	0.29	↔	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Incertae_Sedis	(0.1-0.2)	0.24	↑	
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_UBA1819	(0-0)	0.21	↑	

2 Anexo técnico

2.1 Métodos de análisis

Este informe se genera a partir de datos de secuenciación masiva de segunda generación de los productos de amplificación por PCR de la región V3-V4 del gen ribosomal 16S. Este métodos es actualmente el más empleado en el sector y lo que garantiza es una gran calidad y robustez de los datos obtenidos.

Los datos de secuencias se obtienen en el formato estándar FASTQ y se procesan mediante el siguiente flujo de trabajo.

- Eliminación de los cebadores universales para bacterias que amplifican el gen ribosomal 16S (región V3-V4) mediante el programa *cutadapt* (Martin, 2011).
- Las secuencias, a la que se eliminan los cebadores, pasan por un exhaustivo control de calidad y corrección de errores, union de extremos y eliminación de secuencias quiméricas mediante el flujo de trabajo *DADA2* (Callahan et al., 2016). Este flujo de trabajo se ejecuta mediante la plataforma *R* (R Core Team, 2012). El flujo de trabajo *DADA2* genera, desde el conjunto de datos iniciales, un conjunto de secuencias no redundantes denominadas ASV (Amplicon Sequence Variant). Cada una de ella deriva de una bacteria en concreto y su abundancia relativa refleja la prevalencia de cada tipo bacteriano en el conjunto de la microbiota. Estas secuencias se usan para el paso siguiente de anotación taxonómica.
- Cada secuencia se confronta con una base de datos para saber el tipo de bacteria de la que procede. Este paso de anotación taxonómica se lleva a cabo en el entorno *qiime2* (Bolyen et al., 2019) comparando cada secuencia con las almacenadas en la base de datos *Silva* (versión 138) (Quast et al., 2013). La anotación taxonómica, junto con los conteos de cada secuencia por muestra, definen el perfil de cada muestra. La anotación taxonómica se lleva a cabo aplicando filtros suficientemente estrictos para garantizar confianza y fiabilidad en el resultado obtenido.
- Todos los datos obtenidos se han elaborado en el entorno de programación *R* usando varias librerías de código abierto: *vegan*, *dplyr*, *reshape2*, *phyloseq*, *tidyverse*, *rmarkdown*, *knitcitations*, *knitr*, *kableExtra*.

2.2 Resultados de la secuenciación

A continuación se reporta el número de secuencias obtenidas mediante el proceso de amplificación, mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR), de la región V3-V4 del gen ribosomal 16S y el proceso de secuenciación.

Número de secuencias	
Número de secuencias	59796
Secuencias filtradas	57195
Secuencias corregidas F	56934
Secuencias corregidas R	56944
Secuencias solapantes	56006
Secuencias no quiméricas	54312

2.3 Taxonomía completa

En esta sección se reporta la taxonomía completa de todos los organismos encontrados en la muestra analizada.

Los organismos se reportan siguiendo los rangos taxonómicos en orden alfabético.

Los valores de referencia se han establecido en función de todas las muestras de individuos sanos almacenadas en la base de datos CLOM.

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Referencia sanos CLOM	TUS VALORES %	
Bacteria_Actinobacteriota_Coriobacteriia_Coriobacteriales_Eggerthellaceae_Eggerthella	(0-0)	0.29	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Bacteroidaceae_Bacteroides	(22.4-24.3)	46.28	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Marinifilaceae_Butyricimonas	(0-0)	0.33	↑

(continued)

Dominio Filo Clase Orden Familia Género	Referencia sanos CLOM	TUS VALORES %	
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Prevotellaceae_Paraprevotella	(0-0)	1.64	↑
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Rikenellaceae_Alistipes	(0.5-0.8)	0.10	↓
Bacteria_Bacteroidota_Bacteroidia_Bacteroidales_Tannerellaceae_Parabacteroides	(0.9-1.2)	1.47	↑
Bacteria_Desulfobacterota_Desulfovibrionia_Desulfovibrionales_Desulfovibrionaceae_Biophila	(0-0.1)	0.34	↑
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Erysipelotrichales_Erysipelatoclostridiaceae_Erysipelatoclostridium	(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Erysipelotrichales_Erysipelatoclostridiaceae_Erysipelotrichaceae_UCG-003	(0-0)	0.02	↑
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Erysipelotrichales_Erysipelotrichaceae_Dielma	(0-0)	0.01	↑
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Erysipelotrichales_uncultured_uncultured	(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Firmicutes_Bacilli_Lactobacillales_Enterococcaceae_Enterococcus	(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Clostridiales_Clostridiaceae_Clostridium_sensu_stricto_1	(0-0.1)	3.77	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Eubacteriales_Eubacteriaceae_Eubacterium	(0-0)	0.05	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Anaerostipes	(0.8-1.1)	0.13	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Blautia	(4.4-5)	1.89	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Coproccoccus	(0.2-0.4)	1.40	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Dorea	(0.5-0.6)	1.39	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Eisenbergiella	(0-0)	0.13	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Fusicatenibacter	(0.7-0.9)	0.76	↔
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Hungatella	(0-0)	2.08	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnoclostridium	(0.3-0.4)	3.47	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnospira	(0.3-0.5)	9.02	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnospiraceae_ND3007_group	(0-0.1)	0.41	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Lachnospiraceae_UCG-004	(0-0)	0.00	↔
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Robinsoniella	(0-0)	0.03	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_Roseburia	(0.8-1)	0.14	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_(Ruminococcus)_gnavus_group	(0-0.2)	2.37	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Lachnospirales_Lachnospiraceae_	(1.4-1.6)	3.79	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Butyricicoccaceae_Butyricicoccus	(0.4-0.4)	0.40	↔
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Colidextribacter	(0-0)	1.46	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Flavonifractor	(0-0)	0.57	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Intestinimonas	(0-0)	0.48	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_Oscillibacter	(0-0.1)	0.72	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Oscillospiraceae_	(0-0)	0.15	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Candidatus_Soleiferrea	(0-0)	0.02	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Faecalibacterium	(6.3-7)	5.25	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Fournierella	(0-0)	0.04	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Incertae_Sedis	(0.1-0.2)	0.24	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Negativibacillus	(0-0)	0.14	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Phocaea	(0-0)	0.04	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Ruminococcus	(0.1-0.2)	0.01	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_Subdoligranulum	(1.4-1.6)	0.35	↓
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_UBA1819	(0-0)	0.21	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_Ruminococcaceae_uncultured	(0-0.1)	0.20	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Oscillospirales_	(NA-NA)	0.03	↔
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Peptostreptococcales-Tissierellales_Peptostreptococcaceae_Clostridioides	(0-0)	0.14	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Peptostreptococcales-Tissierellales_Peptostreptococcaceae_Intestinibacter	(0-0)	2.07	↑
Bacteria_Firmicutes_Clostridia_Peptostreptococcales-Tissierellales_Peptostreptococcaceae_	(0-0)	0.01	↑
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Burkholderiales_Sutterellaceae_Sutterella	(0.2-0.4)	0.29	↔
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Enterobacteriales_Enterobacteriaceae_Enterobacter	(0-0)	0.73	↑
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Enterobacteriales_Enterobacteriaceae_	(0-0.2)	5.02	↑
Bacteria_Proteobacteria_Gammaproteobacteria_Pasteurellales_Pasteurellaceae_Haemophilus	(0-0)	0.04	↑

2.4 Perfiles de comunidades

Los perfiles de las comunidades almacenados en la base de datos CLOM han sido agrupados en categorías usando modelos matemáticos conocidos como *Dirichlet Multinomial Mixture models* (Holmes et al., 2012).

Para la definición de cada una de las doce comunidades, se ha llevado a cabo un exhaustivo análisis bioestadístico para la identificación de perfiles de riesgo asociados a determinadas enfermedades o perfiles de protección frente a dichas enfermedades. Estos perfiles se han generado en el marco de un meta-análisis llevando a cabo la estratificando los datos taxonómicos y clínicos procedentes de artículos científicos indexados en motores de búsqueda para la consulta de datos bibliográficos de origen biomédico. Por tanto, las características que describen cada comunidad y enfermedad proceden

de un meta-análisis de correlación entre miles de perfiles de comunidades microbianas y los datos clínicos asociados, mediante análisis de regresión logística binaria.

Cada comunidad puede definirse, de forma general, como:

- Perfiles de protección frente a enfermedades, donde las muestras agrupan principalmente individuos sanos o que no tienen relación con ninguna de las enfermedades analizadas.
- Perfiles compatibles con comunidades que incluyen muestras asociadas a una determinada patología.
- Perfiles donde no hay evidencia estadística de tener algún efecto protector o compatible con eventuales patologías.

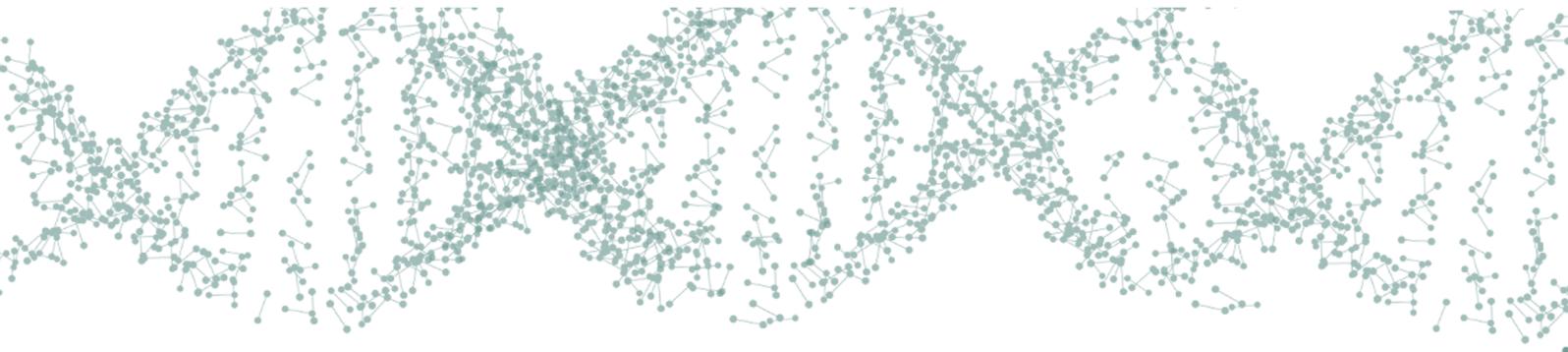
A continuación se describen las principales características de cada comunidad.

- La comunidad 1 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes sanos, con un OR de 0.131 (0.053-0.323, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 88.45%.
- La comunidad 2 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes sanos, con un odd ratio (OR) de 0.154 (0.092-0.259, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 86.65%.
- La comunidad 3 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes sanos, con un OR de 0.170 (0.094-0.309, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 85.44%.
- La comunidad 4 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes sanos, con un OR de 0.216 (0.133-0.350, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 82.25%.
- La comunidad 5 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes sanos, con un OR de 0.373 (0.245-0.567, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 72.84%.
- La comunidad 6 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes sanos, con un OR de 0.539 (0.358-0.812, $p = 0.003$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 64.96%.
- La comunidad 7 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes con síndrome de Cushing, con un OR de 1.876 (0.936-3.763, $p = 0.076$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 65.23%.
- La comunidad 8 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes con diabetes mellitus, con un OR de 18.361 (8.048-41.886, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 94.83%.
- La comunidad 9 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes con síndrome de Cushing, con un OR de 3.392 (1.789-6.431, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 77.23%.
- La comunidad 10 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes con IBD/IBS, con un OR de 158.212 (78.049-320.710, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 99.37%.
- La comunidad 11 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes con cáncer, con un OR de 12.239 (8.770-17.079, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 92.45%.
- La comunidad 12 se caracteriza por la presencia de un número significativo de muestras de pacientes con cáncer, con un OR de 21.070 (14.656-30.292, $p < 0.001$) y una compatibilidad con dicho estado de salud del 95.45%.

Es importante destacar que, en la fase de predicción de asociación de una muestra nueva a un determinado tipo de comunidad, esta no pertenece a la base de datos CLOM, y su eventual asociación a una comunidad y su perfil de riesgo no implica una evidencia directa sobre el estado clínico del individuo en estudio. Por lo tanto, la predicción de pertenecer a un tipo de comunidad y la asociación a un determinado perfil de riesgo representa una guía y NO se debe considerar como un diagnóstico clínico.

3 Referencias bibliográficas

- (1) E. Bolyen et al. "Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2". In: *Nat Biotechnol* 37.8 (ago. 2019). (PubMed Central:PMC7015180) (DOI:10.1038/s41587-019-0209-9) (PubMed:31341288) , pp. 852-857.
- (2) B. J. Callahan et al. "DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data". In: *Nat. Methods* 13.7 (jul. 2016). (PubMed Central:PMC4927377) (DOI:10.1038/nmeth.3869) (PubMed:27214047) , pp. 581-583.
- (3) I. Holmes et al. "Dirichlet multinomial mixtures: generative models for microbial metagenomics". In: *PLoS One* 7.2 (2012), p. e30126.
- (4) M. Martin. "Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads". In: *EMBnet* 17.1 (may. 2011), pp. 10-12.
- (5) C. Quast et al. "The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools". In: *Nucleic Acids Res.* 41.Database issue (ene. 2013). (PubMed Central:PMC3531112) (DOI:10.1093/nar/gks1219) (PubMed:23193283) , pp. D590-596.
- (6) R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. ISBN 3-900051-07-0. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2012. <http://www.R-project.org/>.



DATSME

THAT'S KNOWLEDGENE



Para cualquier consulta que puedas tener, no dudes en contactar con nosotros.

En nuestra web encontrarás todas las formas de contactar con nosotros:

www.datsme.life