



SYNLAB

powered by
MICROBA



myBIOME

Test metagenómico para
el estudio de funcionalidad
del microbioma intestinal

CON myBIOME OBTENDREMOS RESULTADOS SOBRE:

DIVERSIDAD MICROBIANA: Ésta se determina a través del índice de Shannon, una medida de diversidad que utilizan los miembros de la comunidad científica para comparar resultados a lo largo del tiempo y refleja los **diferentes tipos y la cantidad de especies bacterianas** que componen nuestra microbiota intestinal. **Una diversidad microbiana elevada o dentro del rango de normalidad está asociada a una buena salud.** Una dieta variada rica en alimentos de origen vegetal como frutas, verduras, granos integrales y frutos secos puede ayudar a aumentar dicha diversidad.

ESPECIES IMPORTANTES: Identificación de bacterias **potencialmente beneficiosas o patógenas** con solidez científica.

POTENCIAL DE DIGESTIÓN: El análisis ofrece información sobre el potencial para **digerir componentes** como carbohidratos, proteínas, azúcares simples y grasas.

COMPOSICIÓN DE LA MUESTRA: La mayor parte del ADN en las heces (~99%) proviene de microorganismos, mientras que solo una pequeña cantidad (~1%) corresponde a ADN humano. myBIOME ofrece información sobre el porcentaje de los **grupos principales de microorganismos que habitan en el intestino** [bacterias, arqueas y eucariotas (hongos y parásitos)], así como del ADN novel (no identificable) y ADN humano contenido en la muestra. Un porcentaje **mayor al 4% de ADN humano puede ser un marcador indirecto de inflamación intestinal.**

METABOLITOS MICROBIANOS: A partir de los genes funcionales, se determina el potencial metabólico para producir o consumir metabolitos implicados en el **desarrollo de determinadas enfermedades o metabolitos asociados a efectos beneficiosos para la salud** que pueden ser claves en la prevención de dichas enfermedades (indicadores de salud, neuroendocrino, ácidos grasos de cadena corta (AGCC) y vitaminas).

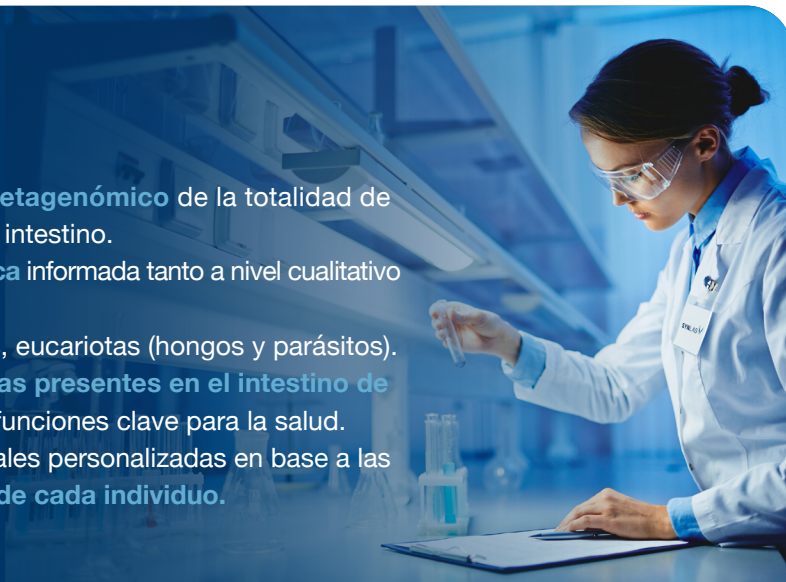
MICROORGANISMOS EUCARIOTAS: Se reporta **presencia de hongos y parásitos** importantes para la salud.

RECOMENDACIONES NUTRICIONALES: El informe proporcionado incluye **recomendaciones dietéticas personalizadas** en base a los resultados obtenidos.

El empleo de la secuenciación metagenómica junto con la interpretación de los hallazgos que esta tecnología de última generación ofrece, **convierte a myBIOME en el test de referencia para el análisis de la microbiota intestinal**, proporcionando una diferenciación y caracterización exhaustiva de los microorganismos que la componen, además de aportar recomendaciones nutricionales que permitan alcanzar un equilibrio saludable.

Puntos clave

- Única prueba que realiza un **análisis metagenómico** de la totalidad de genes de las bacterias que residen en el intestino.
- Ofrece una **mejor clasificación taxonómica** informada tanto a nivel cualitativo como cuantitativo.
- Es capaz de detectar bacterias, arqueas, eucariotas (hongos y parásitos).
- Mide el potencial que tienen las **bacterias presentes en el intestino de producir metabolitos y vitaminas** con funciones clave para la salud.
- Proporciona recomendaciones nutricionales personalizadas en base a las **necesidades bacterianas específicas de cada individuo.**



¿Qué es myBIOME?

myBIOME es un test de secuenciación metagenómica que permite llevar a cabo un **estudio profundo, objetivo y accionable sobre el microbioma intestinal, proporcionando** información detallada sobre los microorganismos que habitan en el intestino y su funcionalidad, el impacto que tienen sobre la salud y cómo alcanzar un equilibrio a través de recomendaciones nutricionales personalizadas.

Evidencia científica

myBIOME realiza un análisis del microbioma intestinal mediante secuenciación metagenómica. A través de la tecnología NGS (Next-Generation Sequencing), se secuencia la totalidad del material genético (ADN) procedente de las comunidades microbianas que residen en el intestino, **permitiendo así el estudio de genomas colectivos y la obtención de secuencias de todos los microorganismos que componen el ecosistema intestinal.**

LA TECNOLOGÍA MAS AVANZADA
**JUNTO CON RECOMENDACIONES PERSONALIZADAS,
HACEN DE myBIOME UNA PRUEBA ÚNICA EN EL MERCADO**

¿Por qué elegir myBIOME?

SECUENCIACIÓN METAGENÓMICA myBIOME	SECUENCIACIÓN 16S ARNr/PCR
Analiza todo el material genético (ADN) de la muestra, permitiendo una estratificación más sensible de los microorganismos que la componen.	Selecciona y amplifica una pequeña porción del 16S ARN ribosómico presente en las bacterias.
Detecta todas las especies con una abundancia relativa (mayor al 0,05%) .	16S ARNr: puede detectar muy pocas especies a nivel de especie.
Alta resolución y cobertura: identificación taxonómica de todos los microorganismos presentes hasta el nivel de especie.	16S ARNr: baja resolución, identificación taxonómica hasta el nivel de género. No detecta especies/cepas. PCR: alta resolución pero cobertura limitada por detectar organismos diana preestablecidos.
Puede identificar especies nuevas previamente desconocidas .	No detecta especies nuevas.
Puede detectar bacterias, arqueas, hongos, y protistas .	16S ARNr: únicamente detecta bacterias. PCR: puede detectar de manera dirigida bacterias, hongos, protistas y virus.
Identifica el potencial funcional de los microorganismos (según la abundancia de los genes) .	No ofrece información acerca de la funcionalidad de microorganismos presentes.
Permite definir pautas dietéticas personalizadas que contrarresten las funciones microbianas alteradas .	No permite determinar funciones microbianas

Ventajas

El empleo de la secuenciación metagenómica para el análisis de la microbiota intestinal **ofrece una serie de ventajas** respecto a aquellas basadas en la secuenciación del gen 16S o en PCR-RT/cultivo.

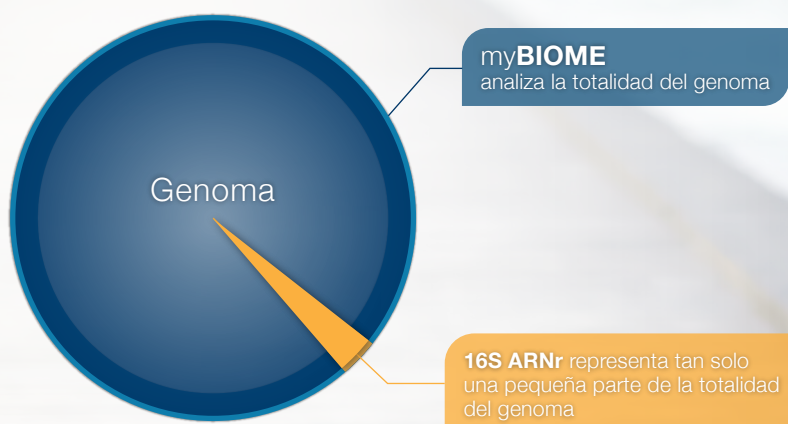
ESTRATEGIA METAGENÓMICA:

El análisis convencional de poblaciones bacterianas mediante amplificación del gen **16S ARN ribosómico** (16S ARNr), se basa en la amplificación de regiones hipervariables del gen 16S ARNr mediante unos cebadores que amplifican dicho fragmento en la mayoría de las bacterias presentes en una muestra. Posteriormente, se realiza una comparación de las secuencias del gen amplificado y se establecen las relaciones filogenéticas existentes entre los organismos detectados. Aunque esta técnica ha sido ampliamente depurada, **no puede detectar microorganismos que hayan sufrido modificaciones en el sitio de unión de los cebadores⁽¹⁾ por lo que dichas bacterias son técnicamente “invisibles” y escapan al análisis⁽²⁾.**

Al margen de esta limitación, el gen 16S ARNr representa tan solo una pequeña parte de la totalidad del genoma de una bacteria, lo que dificulta cualquier tipo de análisis más allá de la clasificación filogenética.

Frente a los estudios convencionales de la microbiota basados en el análisis de 16S ARNr, **myBIOME permite detectar la totalidad de los genes presentes en los microorganismos** de la muestra gracias al uso de técnicas de secuenciación metagenómica, evitando de este modo el sesgo de amplificación y facilitando un muestreo completo de todos los genes presentes en los organismos⁽³⁾. **Esta estrategia permite una gran profundidad de análisis, proporcionando no solamente información de la totalidad de bacterias presentes hasta el nivel taxonómico de especie y cepa, sino también** de otros microorganismos presentes en la muestra como **hongos, arqueas y protistas**.

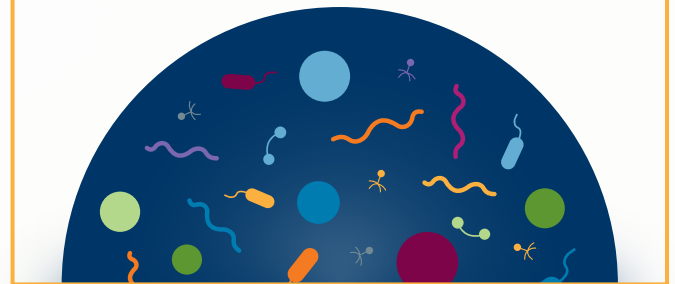
Adicionalmente a la identificación, la metagenómica permite a su vez la caracterización y cuantificación de genes funcionales, lo cual proporciona información sobre las funciones de los microorganismos presentes en la muestra.



ALTA RESOLUCIÓN:

Otra característica diferenciadora de la tecnología utilizada en myBIOME es la **alta resolución** en comparación con el análisis convencional por amplificación del gen 16S ARNr. Esto es debido a que diferentes especies bacterianas pueden tener regiones de 16S similares o incluso idénticas, lo que hace que la amplificación del gen 16S no pueda discriminar entre ellas⁽⁴⁾. **Esta limitación implica una pérdida de información significativa**, pues distintas especies de un mismo género pueden tener funciones muy diferentes⁽⁵⁾. La secuenciación masiva de la totalidad del genoma que utiliza myBIOME es **actualmente la técnica con mayor resolución para la identificación de microorganismos y la detección de sus genes funcionales**.

SECUENCIACIÓN METAGENÓMICA myBIOME



SECUENCIACIÓN 16S ARNr/PCR



Género ————— Faecalibacterium ————— 16S ARNr

myBIOME

F. PRAUSNITZII TIPO A
• Bajo productor de butirato

F. PRAUSNITZII TIPO B
• Degradador de mucina
• Dermatitis atópica

F. PRAUSNITZII TIPO C
• Antiinflamatorio beneficioso
• Alto productor de butirato

REFERENCIAS

1. Yang B, Wang Y, Qian PY. Sensitivity and correlation of hypervariable regions in 16S rRNA genes in phylogenetic analysis. BMC Bioinformatics. 2016 Mar 22;17:135
2. Větrovský T, Baldrian P. The variability of the 16S rRNA gene in bacterial genomes and its consequences for bacterial community analyses. PLoS One. 2013;8(2):e57923.
3. Kumar S, Krishnani KK, Bhushan B, Brahmane MP. Metagenomics: Retrospect and Prospects in High Throughput Age. Biotechnol Res Int. 2015;2015:121735.
4. Fox GE, Wisotzkey JD, Jurtshuk P Jr. How close is close: 16S rRNA sequence identity may not be sufficient to guarantee species identity. Int J Syst Bacteriol. 1992 Jan;42(1):166-70
5. Clarridge JE 3rd. Impact of 16S rRNA gene sequence analysis for identification of bacteria on clinical microbiology and infectious diseases. Clin Microbiol Rev. 2004 Oct;17(4):840-62



**PROVEEDOR LÍDER EN SERVICIOS
DE DIAGNÓSTICO MÉDICO EN EUROPA.**

**PRESENTE EN MÁS DE 40 PAÍSES
EN 4 CONTINENTES.**



**MÁS DE 1.000 PROFESIONALES
MÉDICOS Y EXPERTOS EN GENÉTICA.**

**500 MILLONES DE PRUEBAS
AL AÑO.**



SYNLAB

SOLICITE INFORMACIÓN

900 400 442

callcenter.iberia@synlab.es

@synlabES

SYNLAB

@synlab_es

@SYNLAB

www.synlab.es