

Ф.И.О.: ПРИМЕР РЕЗУЛЬТАТАДата рождения: 01.01.2000 (25 лет) Пол: М
Регистрация биоматериала: 20.08.2025
Биоматериал: Кал;
Взятие биоматериала:

Заявка №:

Заказчик: "Полное наименование
юридического лица"
Исполнитель: **ООО "ДНКОМ"**
Фаза: (при 28-дн цикле)**Заключение во вложении****Показатель****Исследование выполнено**

Дата выполнения исследования:

Исследование выполнил:

Пример результата

Ф.И.О. : Пример Результата
Дата рождения : 01.01.2000
Пол: мужской

Микробиом кишечника

(метагеномное секвенирование 16S рРНК)

Метод исследования - NGS-секвенирование гена 16S рРНК

Для изучения микроорганизмов используется технология метагеномного ДНК-секвенирования, которая позволяет "посчитать" сотни видов бактерий, в том числе и некультивируемых.

Из образцов выделяется ген — 16S рРНК, уникальный и высококонсервативный участок нуклеотидной цепи всех бактерий, по которому принято идентифицировать бактерии.

Данный метод считается «золотым стандартом» для максимально полного анализа состава микробиоты. В итоге мы получаем подробный «портрет» обитателей кишечника человека. Это позволяет узнать:

- какие бактерии и в каком % соотношении представлены в вашем кишечнике;
- как микроорганизмы влияют на ваше здоровье и организм в целом;
- какую патогенетическую роль играют бактерии в развитии различных заболеваний.

Общая информация

Микробиом кишечника играет ключевую роль в вашем здоровье и влияет на многие аспекты повседневной жизни: переваривание пищи, поддержание здорового метаболизма и оптимального веса тела, регуляция иммунной, эндокринной и нервной системы, защита от патогенных микроорганизмов.

Микробиом человека – это совокупность геномов микроорганизмов, населяющих конкретную среду обитания. Выделяют несколько основных локализаций в организме человека: ЖКТ, носоглотка, легкие; кожа, мочеполовая система, лимфатическая система.

Около 70 % всех микроорганизмов, населяющих организм человека, обитают в толстой кишке. Микробиом кишечника — это самая крупная микробная экосистема в организме. Мы являемся носителями от 3 до 20 млн. генов бактерий, что в сотни раз больше набора генов человека. Поэтому микробиом сегодня называют **«ВТОРЫМ ГЕНОМОМ»**.

Оставаясь невидимой, микробиота может достигать веса от 2 до 5 килограммов и насчитывает порядка 10 в 14 клеток микроорганизмов. Количество дружественных видов бактерий, обитающих в человеке, гораздо больше числа всех известных инфекций. Состав микробиома индивидуален как отпечаток пальцев.

Развитие кишечного микробиома начинается внутриутробно, через микробную передачу от матери к плоду. Колонизация кишечника ребенка продолжается после рождения и модулируется такими факторами, как способ родоразрешения (естественный или кесарево сечение), диета (кормление грудью или детское питание), гигиена и воздействие антибиотиков. Первые 1000 дней жизни, когда у ребенка развивается кишечный микробиом, считаются очень важными, так как ранний кишечный микробиом необходим для иммунного, метаболического и кишечного развития. Микробиота кишечника ребенка достигает характеристик взрослой микробиоты в возрасте от 2 до 5 лет.

Рождение естественным путем и грудное вскармливание формирует видовой костяк микробиоты, который обычно сохраняется на всю жизнь и формирует здоровье человека. Дальнейшее обогащение другими видами зависит в основном от образа жизни и питания, а также других факторов, таких как применение лекарственных препаратов, длительный латентный стресс, низкая физическая активность, хроническая интоксикация.

Биоразнообразие

Наличие большого разнообразия бактерий в вашем кишечном микробиоме является показателем здоровья. Люди с хорошим здоровьем, как правило, имеют высокий уровень микробного разнообразия в их кишечнике, но нет конкретной комбинации микроорганизмов, которая идеально подходит для всех. У каждого из нас есть свой уникальный состав микробов, который также зависит от генетики носителя.

Биоразнообразие является ключевым признаком стабильности. Внешние факторы, такие как инфекции, плохое питание, антибиотики, длительный стресс могут привести к исчезновению одного или нескольких ключевых родов и видов. Если у вас высокое биоразнообразие, то включаются механизмы регуляции и компенсации, другие роды и виды возьмут на себя функции обедневших или исчезнувших бактерий. Ключевые функции микробиома не пострадают.

У пациентов с воспалительными заболеваниями кишечника (ВЗК) и метаболическими нарушениями бактериальное разнообразие меньше, чем у здоровых. Так же с возрастом биоразнообразие падает, поэтому данный показатель сегодня является оценкой вашего биологического возраста.

Индекс биоразнообразия		
Для взрослого	Оптимальный	Ваш вариант
По Шеннону	3,8 -5,1	3,54
По Пиелу ¹	Более 0,4	0,74
Кол-во родов	100-160	41

Индекс разнообразия — это количественный показатель, который отражает количество различных типов (например, видов) в наборе данных (сообществе) и который может одновременно учитывать филогенетические отношения между особями, распределенными между этими типами.

¹ МР 2.3.1.0253-21. 2.3.1. Гигиена питания. Рациональное питание. Нормы физиологических потребностей в энергии и пищевых веществах для различных групп населения Российской Федерации. Методические рекомендации" (утв. Главным государственным санитарным врачом РФ 22.07.2021)

Индекс разнообразия Шеннона — это способ измерения разнообразия видов в сообществе. Чем выше значение, тем выше видовое разнообразие в конкретном сообществе. Чем меньше значение, тем меньше разнообразие. Значение = 0 указывает на сообщество, состоящее только из одного вида.

Индекс Пиелу (E) указывает, насколько относительная численность особей при данном количестве видов распределена в сообществе равномерно. Низкие значения показателя свидетельствуют о дисбалансе, демонстрирующем наличие таксонов, резко отличающихся по количеству особей.

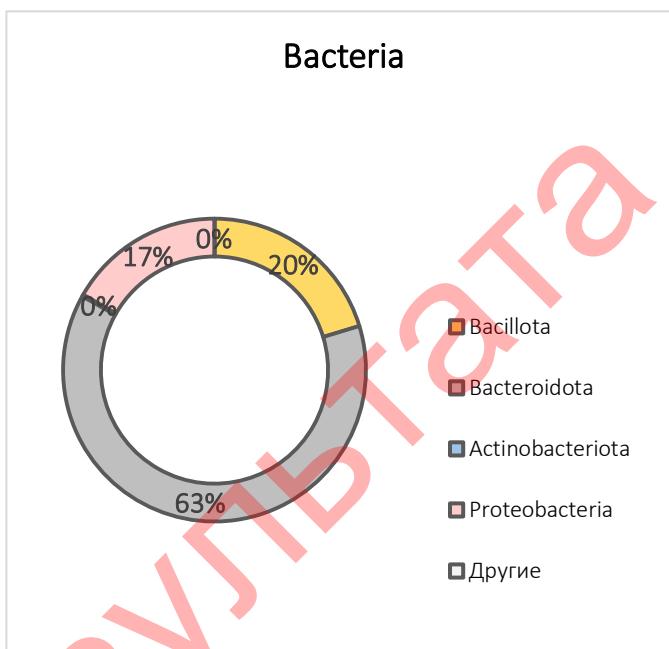
Существует несколько причин снижения микробного разнообразия и изменения состава микробиома:

- Западный тип диеты с большим содержанием простых сахаров, насыщенных жиров, красного мяса, консервантов, подсластителей и низким содержанием растительной клетчатки, ферментированных продуктов, а также однообразное питание.
- Бесконтрольное использование антибиотиков, которые резко снижают популяции наших полезных (пробиотических) бактерий, вплоть до полного исчезновения некоторых ключевых родов.
- Длительный прием лекарственных препаратов:
 - ингибиторов протонной помпы (ИПП)
 - нестероидных противовоспалительных препаратов (НПВП)
 - оральных контрацептивов (КОК)
 - антибиотиков
 - статинов
 - антигипертензивных препаратов
 - антидепрессантов и нейролептиков
 - противопухолевая терапия
 - противовирусная терапия
 - противопаразитарная терапия
- Низкая физическая активность, малоподвижный образ жизни. Известно, что физические упражнения способствуют усиленному синтезу Ацетил Ко-А - предшественника для образования масляной кислоты-важнейшего метаболита полезных бактерий.
- Длительный латентный стресс. Происходит активация Оси Гипоталамус-Гипофиз-Надпочечники. При стрессе нарушается барьерная функция кишечника на фоне повышения глюкокортикоидов.
- Воздействие токсических веществ окружающей среды: бисфенол-А, пестициды, хлор, гербицид-глифосат (RoundUp).

Соотношение основных типов

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %
Bacillota	20,30
Bacteroidota	62,81
Actinobacteriota	0,20
Verrucomicrobiota	0,00
Proteobacteria	16,69
Desulfobacterota	0,00
Euryarchaeota	0,00
Cyanobacteria	0,00
Campylobacterota	0,00
Fusobacteriota	0,00
Incertae_Sedis	0,0
Patescibacteria	0,00
Spirochaetota	0,00
Synergistota	0,00
Thermoplasmatota	0,0
Unclassified	0,00



Соотношение типов бактерий

Состав наших кишечных микробов прямо и косвенно влияет на наше состояние здоровья. Штаммы доминирующих бактерий кишечной флоры человека на уровне *Bacillota* и *Bacteroides*, но субдоминантных уровнях, Представители актинобактерий, фузобактерий и веррукомикробий. Высокий коэффициент обычно сочетается с более низким индексом массы тела, в то время как низкий показатель обычно является ожирением. Диета с высоким содержанием клетчатки увеличивается, в то время как диета с высоким содержанием белка и жира обычно снижает этот показатель.

Соотношение	Оптимум	Ваш вариант
Bacteroidota/Bacillota	1,7-6,0 ²	3,094

Соотношение видов

Соотношение	Оптимум	Ваш вариант
<i>Bacteroides fragilis</i> / <i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	Не более 1,3	0

Пример результата

² МР 2.3.1.0253-21. 2.3.1. Гигиена питания. Рациональное питание. Нормы физиологических потребностей в энергии и пищевых веществах для различных групп населения Российской Федерации. Методические рекомендации" (утв. Главным государственным санитарным врачом РФ 22.07.2021)

Bacillota

Тип домена бактерии; в преобладающем большинстве представители характеризуются низким процентом гуанина и цитозина в ДНК пар (ниже 50 %) и строением клеточной стенки, характерным для грамположительных бактерий. *Bacillota* в кишечной микробиоте могут ферментировать углеводы в различные короткоцепочечные жирные кислоты (SCFA), недостаток SCFA может привести к снижению кишечной барьерной функции.

Bacteroidetes

Тип грамотрицательных бактерий, населяющий желудочно-кишечный тракт, играет ведущую роль среди бактерий в поддержании гомеостаза. Определенная роль приписана некоторым родам Bacteroidetes в развитии иммунной дисрегуляции, неврологических расстройств и системных заболеваний, таких как метаболический синдром.

Actinobacteria

Тип грамположительных бактерий, характеризующийся высоким содержанием гуанина и цитозина в ДНК, и характерной нитчатой морфологией. Некоторые представители группы способны подавлять рост патогенных бактерий, участвуют в защитной функции стенок кишечника.

Proteobacteria

Тип грамотрицательных бактерий, включающий в себя широкий спектр патогенных родов, таких как Escherichia, Salmonella, Vibrio, Helicobacter, Yersinia, Legionellales и многие другие.

Fusobacteria

Тип полиморфных грамотрицательных, анаэробных неспорообразующих бактерий. Часто имеют форму толстых длинных палочек с заостренными концами размером 0,5—1 на 2—3 мкм, не имеют жгутиков и не образуют спор и капсул. Фузобактерии входят в состав нормальной микрофлоры верхних дыхательных путей, желудочно-кишечного тракта и урогенитального тракта.

Verrucomicrobia

Тип грамотрицательных бактерий, у многих из которых на поверхности имеются простеки (буторки), за что тип и получил своё название. Клетки — палочковидные, оvoidные, одиночные или в парах, веретеновидные. Бактерии из данной группы участвуют в барьерной функции кишечника.

Функции микробиома

- **Пищеварительная.** В организме человека нет ферментов для расщепления растительной клетчатки. Эту функцию выполняют в основном бактерии типа Bacillota. В процессе расщепления они производят ряд важных метаболитов, таких как витамины и жирные кислоты с короткой цепью (SCFA). Бактерии также помогают в расщеплении белков, жиров и углеводов, участвуют в метabolизме глютена и лактозы, облегчая симптомы лактазной недостаточности и целиакии.
- **Метаболическая.** Синтез важнейших бактериальных метаболитов: КЦЖК, витаминов, нейромедиаторов.
- **Защитная (барьерная).** Формирование колонизационной резистентности путем конкурентного исключения патогенов, синтез бактериоцинов, интерферонов, выработка интерлейкинов, IL10, стимуляция развития лимфоидного аппарата кишечника у новорожденных. Синтез IgA- мукозальный иммунитет. Взаимодействие пристеночной микробиоты и эпителия обеспечивает присоединение секреторного компонента к Ig A. При этом происходит блокировка прикрепления патогенных бактерий к эпителиальным клеткам и активизируется синтез лизоцима.
- **Иммуномодулирующая.** Основные механизмы обеспечивают бифидо, лакто и бутират производящие бактерии. Колонизация бактериями эпителия кишечника при взаимодействии на поверхности M-клеток пейеровых бляшек приводит к стимуляции лимфоидной ткани, усилиению врожденных иммунных реакций клеточного и гуморального иммунитета, активации продукции цитокинов. КЦЖК взаимодействуют с Treg (супрессорами) создают иммунологическую толерантность, препятствуют возникновению аутоиммунных заболеваний и аллергий.
- **Регуляторная.** Созревание и функционирование иммунной системы, регуляция эндокринной системы кишечника. формирование и регуляция ЦНС. Регуляция работы оси «кишечник-мозг»
- **Антистрессорная.** Некоторые виды Бифидо, Лактобактерий и ряд других бактерий являются психобиотиками. Данные бактерии способны улучшать психоэмоциональное состояние, снижать беспокойство и тревогу, изменяя экспрессию рецепторов нейромедиаторов: ГАМК, дофамина, серотонин, окситоцина.
- **Антиканцерогенная.** Бутират бактерий действует как ингибитор HDAC, модулирует экспрессию генов, регулирующий клеточный цикл и активирующих апоптоз в раковых клетках толстой кишки, подавляет канцерогенез.

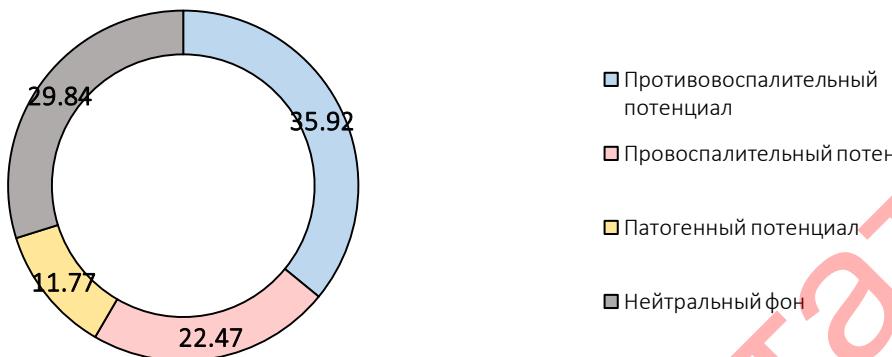
Функциональный потенциал представителей кишечной микробиоты³

Противовоспалительный потенциал		Провоспалительный потенциал		Патогенный потенциал	
Бактерия род/вид	%	Бактерия род/вид	%	Бактерия род/вид	%
Bacillota					
Roseburia	1,20	Staphylococcus	0.0	Listeria monocytogenes	0.0
Roseburia hominis	0.0	Listeria	0.0	Bacillus anthracis	0.0
Faecalibacterium	5,07	Streptococcus pyogenes	0.0	Bacillus cereus	0.0
Faecalibacterium prausnitzii	3,78	Streptococcus pneumoniae	0.0	Clostridium perfringens	0.0
Lactobacillus	0.0	Enterococcus faecalis	0.0	Clostridium difficile	0.0
Lactococcus	0.0	Enterococcus faecium	0.0	Clostridium tetani	0.0
Leuconostoc	0.0	Blautia	0,71	Clostridium septicum	0.0
Streptococcus thermophilus	0.0	Parvimonas micra	0.0		
Pediococcus	0.0	Veillonella	0,01		
Ruminococcus	0,16	Peptococcus	0.0		
Eubacterium	0.0	Lachnoclostridium	1,26		
Coprococcus	0,32				
Enterococcus durans	0.0				
Bacteroidetes					
Bacteroides xylinisolvans	0.0	Prevotella	0.0		
Bacteroides vulgatus	3,22	Alistipes	5,14		
Bacteroides uniformis	10,40	Bacteroides fragilis	0.0		
Bacteroides dorei	0.0	Bacteroides helcogenes	0.0		
Bacteroides stercoris	0.0	Bacteroides salanitronis	0.0		
Bacteroides coprocola	0.0	Parabacteroides	1,03		
Bacteroides finegoldii	0.0	Barnesiella intestinihominis	0.0		
Bacteroides intestinalis	0.0				
Bacteroides thetaiotaomicron	0.0				
Parabacteroides distasonis	0.0				
Candidatus arthromitus	0.0				

³ МР 2.3.1.0253-21. 2.3.1. Гигиена питания. Рациональное питание. Нормы физиологических потребностей в энергии и пищевых веществах для различных групп населения Российской Федерации. Методические рекомендации" (утв. Главным государственным санитарным врачом РФ 22.07.2021)

Proteobacteria					
Escherichia/Shigella	11,7 7	Sutterella	0.0	Yersinia	0.0
Escherichia coli	0.0	Edwardsiella	0.0	Vibrio	0.0
Wolinella	0.0	Enterobacter	0.0	Vibrio cholerae	0.0
		Bilophila	0.0	Helicobacter	0.0
		Pseudomonas	0.0	Helicobacter pylori	0.0
		Klebsiella	2,34	Campylobacter	0.0
		Citrobacter	0.0	Campylobacter coli	0.0
		Serratia	0.0	Campylobacter jejuni	0.0
		Cronobacter	0.0	Campylobacter lari	0.0
		Escherichia/Shigella	11,77	Escherichia/Shigella	11,77
		Campylobacter	0.0	Escherichia coli	0.0
		Sulfurospirillum	0.0	Salmonella	0.0
		Pasteurellaceae	0.0		
		Burkholderia	0.0		
		Haemophilus	0.0		
Actinobacteria					
Bifidobacterium	0.0	Atopobium	0.0		
		Atopobium species	0.0		
		Propionibacterium	0.0		
		Collinsella	0,20		
		Collinsella intestinales	0.0		
Verrucomicrobia					
		Akkermansia	0.0		
		Akkermansia muciniphila	0.0		
Euryarchaeota					
		Methanobrevibacter	0.0		
		Methanobrevibacter smithii	0.0		
Fusobacteria					
		Fusobacterium	0.0		
Противовоспалительный потенциал	35,92	Провоспалительный потенциал	22,47	Патогенный потенциал	11,77

Функциональный потенциал представителей кишечной микробиоты



Представители кишечной микробиоты

Бактерии

Бактерия		Среднее значение в популяции %	Описание рода бактерий/Функциональное значение	Ваш вариант, %
Тип	Род			
Бактерии-производители бутиратта				
Bacillota ⁴	Anaerobutyricum	0.0	Бутират-продуцент. Конвертация лактата и сахара в бутират	0.0
Bacillota	Anaerostipes	0,02-0,12	- синтез масляной кислоты - протективный эффект в отношении КРР	0.0
Bacillota	Agathobacter	0,25-2,14	-синтез бутирата	1,75
Bacillota	Butyricicoccus	0,05-0,22	- синтез масляной кислоты	0,30
Bacteroidota	Butyricimonas	0,0001-0,46	- синтез масляной кислоты	0.0
Bacillota	Coprococcus	0,02-0,66	- расщепляют разные виды волокон- производство масляной кислоты -высокое содержание ассоциировано с низким индексом массы тела и высоким разнообразием микробиоты.	0,32

⁴ Бывший тип Firmicutes

Bacillota	Eubacterium	0,0001-0,01	- синтез масляной кислоты - синтез витамина B12 - синтез реутерина (антимикробное в- во)	0.0
Bacillota	Faecalibacterium	4,01-8,90	- контроль воспалительных процессов -поддержка кишечного барьера -иммуномодулирующая функция -противоопухолевая защита, подавляет канцерогенез -способна расщеплять сложные углеводы, например пектин -резко снижена у пациентов с ВЗК, болезнью Крона, метаболическим синдромом, также на западной диете, после антибиотиков и после перенесённого COVID-19	5,07
Bacillota	Flavonifractor	0,004-0,09	- синтез масляной кислоты	0,08
Bacillota	Lachnospira	0,45-2,04	- синтез масляной кислоты	1,18
Bacteroidota	Odoribacter	0,14-0,71	- синтез масляной кислоты	0.0
Bacillota	Roseburia	0,24-1,18	-контроль воспалительных процессов -поддержка кишечного барьера -иммуномодулирующая функция -противоопухолевая защита, подавляет канцерогенез	1,20
Bacillota	Subdoligranulum	0,73-2,42	- синтез масляной кислоты	0,65

Бактерии- производители ацетата, пропионата, сукцината

Verrucomicrobiota	Akkermansia	0,0001-3,00	- живет в слизистом слое кишечника, -играет важную роль в регулировании оборота слизи в кишечнике, поддерживает слизистый барьер -является биомаркером здорового метаболизма, улучшает гомеостаз глюкозы, липидов крови -повышается при потреблении фруктоолигосахаридов, полифенолов, проантокинанов, приеме некоторых лекарств, а также нарушении целостности кишечного барьера, избыточном производстве слизи и некоторых нейродегенеративных заболеваниях -производит пропионат и ацетат -поддерживает слизистый барьер кишечника -улучшает гомеостаз глюкозы, липидов крови Повышается при длительном голодании, нарушении целостности кишечного барьера,	0.0
-------------------	-------------	-------------	---	-----

			приеме метформина и некоторых нейродегенеративных заболеваниях как компенсаторный механизм	
Bacteroidota	Alistipes	1,05-4,44	<ul style="list-style-type: none"> - производит ацетат, сукцинат, ГАМК Высокие значения ассоциированы с диетой с большим содержанием красного мяса и малым кол-вом растительной клетчатки и связаны с плохим здоровьем кишечника и способствуют воспалению. Также снижают биодоступность серотонина, ассоциированы с синдромом хронической усталости и депрессивными расстройствами, Низкие значения ассоциированы с патологиями печени. 	5,14
Bacteroidetes	Bacteroides	8,18-24,29	<p>Высокое значение рода может быть связано с «западной диетой», содержащей много мясных продуктов, животных жиров и сахара и мало клетчатки. Некоторые виды бактерий ассоциированы с плохим здоровьем кишечника. Данные бактерии кроме сукцината и КЖЦК, способны к выработке аминокислот с разветвленной цепью, которые могут быть связаны с метаболическими нарушениями</p>	55,59
Bacillota	Blautia	0,25-1,06	<ul style="list-style-type: none"> - производит ацетат расщепляет сложные углеводы <p>Высокие значения некоторых видов были ассоциированы с нарушением метаболизма глюкозы.</p> <ul style="list-style-type: none"> - преобразование желчных кислот 	0,71
Bacillota	Dorea	0,10-0,40	<ul style="list-style-type: none"> - производит ацетат и газы <p>Повышенные значения ассоциированы с метаболическими нарушениями, с синдромом раздраженного кишечника и колита. Обычно эти газы «перехватывают» бактерии рода Blautia, которые производят ацетат, поэтому 2 бактерии обычно встречаются вместе.</p>	0,34
Bacteroidota	Parabacteroides	0,58-2,46	<p>Нормальная микрофлора кишечника. Некоторые виды могут вызывать инфекции.</p> <p>Повышена представленность некоторых видов рода Parabacteroides, которые могут быть связаны с плохим здоровьем кишечника и сердечно-сосудистыми заболеваниями, а также ассоциированы с диетой с пониженным содержанием фруктом и</p>	1,03

			овощей. Пониженная представленность данного вида может быть ассоциирована с Рассеянным склерозом.	
Bacillota	Phascolarctobacterium	0,0001-2,47	<p>Данный род играет важную роль в микробиоме здоровых людей, связан с метаболическим состоянием и настроением хозяина. Он почти не использует углеводы для роста и вместо этого использует сукцинат в качестве субстрата, для этого вступает в симбиоз с некоторыми бактериями кишечника, которые производят сукцинат из пищевых волокон ксиланов</p> <p>Высокое значение данного рода связано с ухудшением метаболических параметров и может быть связано с диетой с высоким содержанием насыщенных жиров.</p> <p>Являются типичными липополитическими бактериями. Непереваренные в тонкой кишке жиры, в основном насыщенные жиры, могут действовать как источник питания для бактерий. Повышенное содержание остаточного жира в пищеварительном тракте может способствовать размножению данных бактерий.</p>	2,70
Bacteroidetes	Prevotella	0,0001-3,35	<p>-встречается в незападных популяциях и связан с диетой минимально обработанной пищей с высоким содержанием клетчатки,</p> <p>-нормализует обмен глюкозы, - защищает от колоректального рака. Некоторые виды Превотеллы могут использовать в качестве источников топлива и клетчатку, и белок. В зависимости от вашей диеты и</p>	0.0
Bacillota	Ruminococcus	0,17-1,64	<p>-отвечают за расщепление резистентного крахмала, бобовых, а также способствуют выделению ацетата. Некоторые представители данного рода могут способствовать развитию воспалительных заболеваниях кишечника при неблагоприятных условиях</p>	0,16
Бактерии, продуцирующие валерат (валериановую кислоту)				
Bacillota	Oscillibacter	0,06-0,24	<p>-продуцирует преимущественно валерат при выращивании на источнике углерода глюкозы Ассоциирован с ожирением.</p>	0,56

Бактерии, продуценты молочной кислоты

Actinomycetota	Bifidobacterium	0,12-2,58	<ul style="list-style-type: none"> -сдерживание роста патогенов -синтез аминокислот, витаминов группы В -превращают лактозу в молочную кислоту -активируют синтез иммуноглобулинов -снижают риск аллергии -контроль воспаления -усиление всасывания витамина D - метаболизм глютена -метаболизм лактозы 	0.0
Actinomycetota	Collinsella	0,03-1,33	<p>Collinsella aerofaciens ферментируют глюкозу, маннозу, галактозу, фруктозу, мальтозу и лактозу. Продуцируют H_2, этанол, муравьиную и молочную кислоты (формиаты и лактаты).</p> <p>Имеются данные, что у больных с СРК Collinsella понижена. Согласно некоторым исследованиям Collinsella aerofaciens ассоциируются с колоректальным раком</p>	0,20
Bacillota	Enterococcus	0,0001-0,01	<p>Энтерококки входят в состав нормальной микрофлоры желудочно-кишечного тракта человека и многих позвоночных, играют важную роль в обеспечении колонизационной резистентности слизистой оболочки</p> <ul style="list-style-type: none"> - метаболизм лактозы - метаболизм молочной кислоты - пробиотические свойства (некоторые штаммы) - условно-патогенные виды/штаммы 	0.0
Bacillota	Lactobacillus	0,0001-0,01	<p>Большинство присутствующих в кишечнике лактобацилл являются транзиторными, полученными из ферментированной пищи, пробиотиков или более проксимальных частей ЖКТ.</p> <ul style="list-style-type: none"> - доминируют в верхних отделах желудочно-кишечного тракта -отсутствуют либо присутствуют в стуле многих людей в очень низком значении (менее 0,02%). Это вариант нормы. Лактобациллы обладают противоспалительной, иммуномодулирующей функцией. Участвуют в метаболизме глютена и лактозы. 	0.0
Bacillota	Lactococcus	0,0001-0,003	<ul style="list-style-type: none"> -противоспалительная -иммуномодулирующая 	0.0

Бактерии, препятствующие колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками

Bacteroidota	Barnesiella	0,0001-1,40	-препятствуют колонизации кишечника патогенными внутрибольничными бактериями -повышает эффективность иммуномодулирующей терапии при некоторых видах рака	1,05
--------------	-------------	-------------	---	------

Бактерии, продуцирующие сероводород

Pseudomonadota	Bilophila	0,05-0,36	-фактор риска воспаления -расщепляет таурин, серосодержащие соединения из пищи и производит газообразный сероводород-цитотоксичное вещество. Количество данной бактерии увеличивается на диетах на основе животных и с большим количеством насыщенных жиров. Повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот и изменению метаболического профиля.	0.0
----------------	-----------	-----------	---	-----

Thermodesulfobacteriota	Desulfovibrio	0,0001-0,02	-фактор риска воспаления, производит цитотоксичный сероводород, ассоциируется с несколькими клиническими состояниями, такими как воспалительные заболевания кишечника и невоспалительные заболевания кишечника. Повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот и изменению метаболического профиля	0.0
-------------------------	---------------	-------------	---	-----

Bacillota	Erysipelatoclostridium	0,0001-0,13	Типичный представитель Erysipelatoclostridium ramosum (ранее Clostridium ramosum) принадлежит к комменсальной микробиоте, лишь в редких случаях играет патогенную роль, приводя к инвазивным инфекциям, чаще всего у детей и пожилых людей с ослабленной иммунной системой -может производить сероводород -изучается его патофизиологическая роль в развитии метаболических изменений	0.0
-----------	------------------------	-------------	---	-----

Бактерии, обладающие протективным потенциалом (некоторые виды данных родов)

Bacillota	Christensenella	0,0001-0,01	-препятствует ожирению и набору веса -снижает риск сердечно-	0.0
-----------	-----------------	-------------	---	-----

			сосудистых заболеваний, метаболического синдрома и СД 2 типа - ассоциирована с пониженным уровнем триглицеридов в крови, повышенными уровнями ЛПВП	
Бактерии, обладающие патогенным потенциалом (некоторые виды данных родов)				
Pseudomonadota	Campylobacter	0,0001-0,01	Острые воспалительные заболевания кишечника, энтероколиты, проктиты	0.0
Pseudomonadota	Citrobacter	0,0001-0,01	Цитробактер является одной из самых частых причин внутрибольничных ангиогенных инфекций и инфекций мочевыводящих путей. Цитробактер способен вызывать вспышки гастроэнтеритов и токсикоинфекций, внутрибольничные инфекции, менингиты, абсцессы мозга, урологические заболевания, гнойные инфекции и сепсис у детей и взрослых людей	0.0
Bacillota	Clostridium_sensu_stricto_1	0,0001-0,10	Большинство клостридий не патогенны, но некоторые виды клостридий могут быть причиной различных болезней человека, часть которых протекает тяжело и может приводить к летальному исходу. В частности, клостридии вида Clostridium botulinum могут быть причиной ботулизма, Clostridium tetani — столбняка, Clostridium perfringens, Clostridium novyi, Clostridium oedematiens и Clostridium septicum — газовой гангрены. Клостридии могут вызывать заболевания мочеполовых органов человека, в частности, острый простатит.	0,009
Pseudomonadota	Escherichia/Shigella	0,02-0,47	Escherichia spp. выделяются при диарее, сахарном диабете, колоректальном раке, эндометриите, титр эшерихий повышается при хронической болезни почек: пиелонефrite, инфекции мочевых путей, простатите; при холецистите, спонтанном бактериальном перитоните, воспалительных заболеваниях кишечника (ВЗК) Shigella spp/ выделяют при дизентерии	11,77
Actinomycetota	Eggerthella	0,0001-0,02	Является нормальной микрофлорой желудочно-кишечного тракта человека. Бактерии вида Eggerthella lenta были выделены из ряда абсцессов, из тканей аппендикса, перitoneальной жидкости и опухолей кишечника. Они часто	0.0

			участвует в смешанных инфекциях с менее сложно обнаруживаемыми бактериями. <i>Eggerthella</i> spp. также ассоциируются с бактериальным вагинитом женщин	
Pseudomonadota	Enterobacter	0,0001-0,01	Внутрибольничные ангиогенные инфекции и инфекций дыхательных и мочевыводящих путей.	0.0
Fusobacteriota	Fusobacterium	0,0001-0,01	Некоторые виды фузобактерий являются условно-патогенными и при иммунодефицитах могут вызывать вторичные гангренозные и гнойно-гангренозные процессы. При ангине, герпетическом стоматите, гипотрофии у детей, при иммунодефицитных состояниях возможно развитие фузоспирохетоза — некротического воспалительного процесса на миндалинах, слизистой оболочки полости рта. Биомаркер КРР.	0.0
Pseudomonadota	Haemophilus	0,0001-0,07	Haemophilus spp. выделяются при синдроме раздражённого кишечника (СРК) с диареей, эзофагите, пищеводе Барретта, бронхиальной астме; <i>Haemophilus influenzae</i> — при пневмонии, синуситах, менингитах, отитах, артритах	0.0
Pseudomonadota	Klebsiella	0,0001-0,01	Является представителем нормальной микрофлоры кишечника человека. В то же время, клебсиелла может вызывать ряд заболеваний: острый гастрит, кишечные инфекции, внебольничные пневмонии, поражение слизистых оболочек носа и верхних дыхательных путей, бронхиальная астма, острый и хронический простатит, цистит, пиелонефрит.	2,34
Bacillota	Peptococcus	0,0001-0,01	Пептококки выделяются при воспалительных процессах: аппендиците, плеврите, тонзиллите, послеродовой септициемии и других, как правило, вместе с другими микробами. При кариесе, пульпите, пародонте они чаще встречаются в ассоциациях с фузобактериями и спирохетами.	0.0
Pseudomonadota	Proteus	0,0001-0,01	Три вида из рода протея — <i>Proteus mirabilis</i> , <i>Proteus vulgaris</i> и <i>Proteus penneri</i> являются патогенными для человека, причем 75–90 % инфекций вызывает <i>Proteus mirabilis</i> . Наиболее часто острые кишечные инфекции, вызываемые протеем, встречаются у детей раннего	0.0

			<p>возраста: ослабленных или с пониженным иммунитетом. Причиной протейной инфекции также может быть бесконтрольный прием антибиотиков. Заболевание обычно протекает в виде гастроэнтерита, гастрита и колиэнтерита. Очень часто острые кишечные протейные инфекции сопровождаются повышением температуры, рвотой, нарушением аппетита, кратковременными судорогами, наблюдается также изменение характера стула и его учащение.</p> <p>Бактерии рода протей, наряду с другими микроорганизмами, могут вызывать заболевания мочевыводящих путей и почек человека, в частности, острый и хронический простатит, цистит, пиелонефрит, в том числе большинство ксанторганулематозных пиелонефритов. <i>Proteus mirabilis</i> является причиной раневых инфекций. <i>Proteus vulgaris</i> присутствует в кишечнике здорового человека и многих животных, он обнаруживается в навозе, почве и загрязненных водах. <i>Proteus spp.</i> высевается из тканей анального канала у больных с хронической анальной трещиной. <i>Proteus spp.</i> ассоциируются с воспалительными заболеваниями кишечника (ВЗК) и целиакией (<i>Proteus mirabilis</i>), острым гастроэнтеритом, хронической анальной трещиной, простатитом, циститом, пиелонефритом</p>	
Pseudomonadota	<i>Pseudomonas</i>	0,0001-0,01	<p>-Гнойно-воспалительные процессы</p> <p>- Острый простатит</p>	0.0
Pseudomonadota	<i>Salmonella</i>	0,0001-0,01	Брюшной тиф, паратиф А, В и С, сальмонеллез	0.0
Bacillota	<i>Staphylococcus</i>	0,0001-0,01	Стафилококки ассоциируются с целиакией и воспалительными заболеваниями кишечника (ВЗК), сепсисом, ринитом, астмой, атопическим дерматитом (<i>Staphylococcus aureus</i>), ассоциированной с антибиотиками диареей (<i>Staphylococcus aureus</i>), угревой сыпью, эндометритом	0.0
Bacillota	<i>Streptococcus</i>	0,08-0,55	Среди стрептококков есть и возбудители различных болезней человека, и представители нормальной микрофлоры, обитающей в	0,02

			ротовой полости, желудочно-кишечном тракте, мочеполовых и дыхательных путях, и широко применяемые в пищевой и фармацевтической промышленности штаммы. Стрептококки ассоциированы с бронхиальной астмой, рассеянным склерозом; титры стрептококков уменьшаются при болезни Крона и повышаются при колоректальном раке (<i>Streptococcus bovis</i>), атрофическом гастрите, раке желудка; <i>Streptococcus pneumoniae</i> ассоциирован с adenокарциномой пищевода	
Actinomycetota	Rothia	0,0001-0,01	- представитель нормальной флоры кишечника. Может быть причиной оппортунистических инфекций. Rothia выявлены у больных целиакией	0.0
Bacillota	Ruthenibacterium		- лактат-продуцент Ассоциирован с ревматоидным артритом. Повышенные значения наблюдаются при РС - связан с эффективностью лечения при колоректальном раке	0.0
Spirochaetota	Treponema	0,0001-0,01	Некоторые виды – Treponema, являются возбудителями заболеваний	0.0
Pseudomonadota	Yersinia	0,000001-0,0001	Yersinia enterocolitica — возбудитель иерсиниоза (острого инфекционного заболевания, поражающего преимущественно желудочно-кишечный тракт, с тенденцией к генерализованному поражению различных органов и систем). Yersinia pestis — возбудитель чумы, Yersinia pseudotuberculosis — возбудитель псевдотуберкулеза	0.0
Бактерии, преобразователи желчных кислот				
Bacillota	Enterocloster	0-0	- преобразование желчных кислот	0.0
Бактерии, утилизирующие оксалаты				
Pseudomonadota	Oxalobacter	0,0001-0,01	-разрушает оксалаты, снижает абсорбцию оксалатов в просвете толстой кишки -предотвращает гипероксалурию -снижает риск образования оксалатных камней в почках - высокий уровень может быть связан с избытком оксалатов в пище	0.0

Бактерии, продуцирующие уролитины				
Actinomycetota	Gordonibacter	0,0001-0,01	-преобразовывают пищевые полифенолы-эллагитанинны, которые содержатся в гранате, малине, гречих орехах в биоактивное вещество Уролитин-А, который стимулирует митохондриальный биогенез. -даные бактерии могут расти на других фенолах (кофеиновая, розмариновая, хлорогеновая кислота) и повышаются при потреблении кофе.	0.0

Пример результата

Археи

Археи		Среднее значение %	Функциональное значение	Ваш вариант, %
Тип	Род			
Archaea	Methanobrevibacter	0,0001-0,005	<p>Данный архей встречается у людей с повышенным метаболизмом, у профессиональных спортсменов, на диетах с высоким содержанием углеводов и у пациентов с СРК, метеоризом.</p> <ul style="list-style-type: none"> -превращает водород и углекислый газ в метан, помогает бактериям расщеплять пищевые волокна -участвует в регуляции пищевого поведения и чувства голода. Увеличенное время прохождения каловых масс в толстой кишке увеличивает время роста архей -избыточное количество архея коррелирует с кишечными расстройствами, включая синдром раздраженного кишечника (СРК) и запоры, а также метеоризм 	0.0
Archaea	Methanospaera	0,0001-0,01	<ul style="list-style-type: none"> -второй менее распространённый производитель метана. -встречается в 6% образцах 	0.0
Archaea	Methanomassiliicoccus	0,0001-0,01	<p>относится к архебиотикам благодаря способности использовать ТМА в качестве субстрата и помогает пациентам, страдающим триметиламигурией.</p> <ul style="list-style-type: none"> -появление этого архея в желудочно-кишечном тракте человека может уменьшить накопление ТМАО и, следовательно, риск сердечно-сосудистых заболеваний, вызванных этим соединением. 	0.0

Пример результатов

Потенциал микробиоты к метаболизму

Бактерия	Среднее значение в популяции %	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
Бактерии-производители бутират			
Roseburia	0,24-1,18	1,20	Высокое значение
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,63	Высокое значение
Roseburia inulinivorans	0,0001-0,16	0,56	Высокое значение
Faecalibacterium	4,01-8,90	5,07	Среднее значение
Faecalibacterium_prausnitzii	1,60-5,77	3,78	Среднее значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,02-0,66	0,32	Среднее значение
Coprococcus_catus	0,0001-0,008	0,0	Значение отсутствует
Coprococcus_comes	0,0001-0,16	0,32	Высокое значение
Coprococcus_eutactus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Anaerostipes	0,02-0,12	0,0	Значение отсутствует
Anaerostipes hadrus	0,0001-0,08	0,0	Значение отсутствует
Subdoligranulum	0,73-2,42	0,65	Низкое значение
Butyrimonas	0,0001-0,46	0,0	Значение отсутствует
Butyrimonas_synergistica	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Butyrimonas virosa	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Butyribrio	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Butyricoccus	0,05-0,22	0,30	Высокое значение
Flavonifractor	0,004-0,09	0,08	Среднее значение
Flavonifractor plautii	0,0001-0,04	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,14-0,71	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter splanchnicus	0,09-0,52	0,0	Значение отсутствует
Lachnospira	0,45-2,04	1,18	Среднее значение
Lachnospira_pectinoschiza	0,05-0,56	0,51	Среднее значение
Agathobacter	0,25-2,14	1,75	Среднее значение
Agathobacter faecis	0,21-3	0,0	Значение отсутствует
Agathobacter rectale	0,21-3	0,0	Значение отсутствует
Потенциал производства бутирата			
Средний			
Бактерии-производители ацетата			
Alistipes	1,05-4,44	5,14	Высокое значение
Alistipes_finegoldii	0,0001-0,07	0,53	Высокое значение
Alistipes_ihumii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_indistinctus	0,0001-0,008	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_inops	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_massiliensis	0,0001-0,01	0,07	Высокое значение
Alistipes_obesi	0,0001-0,19	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_putredinis	0,0001-1,36	4,02	Высокое значение
Alistipes_senegalensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_shahii	0,0001-0,14	0,52	Высокое значение
Alistipes_timonensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides	8,18-24,29	55,59	Высокое значение
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,14	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides_uniformis	0,29-2,35	10,40	Высокое значение
Bacteroides_vulgatus	0,36-5,45	3,22	Среднее значение
Dorea	0,10-0,40	0,34	Среднее значение
Dorea formicigenerans	0,0001-0,06	0,02	Среднее значение

Dorea longicatena	0,04-0,26	0,33	Высокое значение
Blautia	0,25-1,06	0,71	Среднее значение
Blautia wexlerae	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Blautia massiliensis	0,0001-0,04	0,03	Среднее значение
Blautia obeum	0,0001-0,07	0,13	Высокое значение
Prevotella	0,0001-3,35	0,0	Значение отсутствует
Phascolarctobacterium	0,0001-2,47	2,70	Высокое значение
Anaerostipes	0,02-0,12	0,0	Значение отсутствует
Anaerostipes hadrus	0,0001-0,08	0,0	Значение отсутствует
Barnesiella	0,0001-1,40	1,05	Среднее значение
Barnesiella_intestiniihominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bifidobacterium	0,12-2,58	0,0	Значение отсутствует
Bifidobacterium longum	0,0001-0,53	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,14-0,71	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter_splanchnicus	0,09-0,52	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,58-2,46	1,03	Среднее значение
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,34	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides_merdeae	0,0001-0,91	0,0	Значение отсутствует
Roseburia	0,24-1,18	1,20	Высокое значение
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Ruminococcus	0,17-1,64	0,16	Низкое значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Ruminococcus_bromii	0,0001-0,14	0,0	Значение отсутствует

Потенциал производства ацетата

Средний

Бактерии-производители пропионата

Akkermansia	0,0001-3,00	0,0	Значение отсутствует
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,59	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides	8,18-24,29	55,59	Высокое значение
Bacteroides caccae	0,0001-0,62	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides faecis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides fragilis	0,0001-0,25	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides ovatus	0,0001-0,06	0,14	Высокое значение
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,14	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides_xylanisolvens	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Blautia	0,25-1,06	0,71	Среднее значение
Blautia obeum	0,0001-0,07	0,13	Высокое значение
Clostridium	0-0	0,0	Значение отсутствует
Clostridium symbiosum	0-0	0,0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,02-0,66	0,32	Среднее значение
Coprococcus catus	0,0001-0,008	0,0	Значение отсутствует
Escherichia	0,02-0,47	11,77	Высокое значение
Flavonifractor	0,004-0,09	0,08	Среднее значение
Flavonifractor plautii	0,0001-0,04	0,0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	2,34	Высокое значение
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Megamonas	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Megamonas funiformis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,58-2,46	1,03	Среднее значение
Parabacteroides_goldsteinii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Veillonella	0,0001-0,08	0,01	Среднее значение
Veillonella dispar	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует

Потенциал производства пропионата

Средний

Бактерии, продуценты молочной кислоты			
Bifidobacterium	0,12-2,58	0.0	Значение отсутствует
Lactobacillus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Lactococcus	0,0001-0,003	0.0	Значение отсутствует
Leuconostoc	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus	0,08-0,55	0,02	Низкое значение
Enterococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Потенциал производства молочной кислоты			Средний
Бактерии, продуценты метана			
Methanobrevibacter	0,0001-0,005	0.0	Значение отсутствует
Methanospaera	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Methanomassiliicoccus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Потенциал производства метана			Средний
Бактерии, утилизирующие оксалаты			
Oxalobacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Anaerostipes	0,02-0,12	0.0	Значение отсутствует
Cloacibacillus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Потенциал утилизации оксалатов			Средний
Бактерии, препятствующие колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками			
Barnesiella	0,0001-1,40	1,05	Среднее значение
Протективный потенциал против колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками			Средний
Бактерии, преобразователи желчных кислот			
Alistipes	1,05-4,44	5,14	Высокое значение
Blautia	0,25-1,06	0,71	Среднее значение
Enterocloster	0-0	0.0	Значение отсутствует
Methanobrevibacter	0,0001-0,005	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0.0	Значение отсутствует
Потенциал преобразования желчных кислот			Средний
Бактерии, продуценты аммиака⁵			
Alistipes	1,05-4,44	5,14	Высокое значение
Alistipes finegoldii	0,0001-0,07	0.0	Значение отсутствует
Bilophila	0,05-0,36	0.0	Значение отсутствует
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0.0	Значение отсутствует
Blautia	0,25-1,06	0,71	Среднее значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Blautia wexlerae	0,001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter freundii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium saudiense	0-0	0.0	Значение отсутствует
Comamonas	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Comamonas kerstersii	0-0	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_desulfuricans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter_himalayensis	0-0	0.0	Значение отсутствует
Haemophilus	0,0001-0,07	0.0	Значение отсутствует
Haemophilus_parainfluenzae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

⁵ Производство аммиака — это нормальный способ, которым бактерии перерабатывают белок в кишечнике. Однако избыточное производство аммиака может приводить к нарушению барьерной функции кишечника и воспалительным процессам в кишечнике.

Klebsiella	0,0001-0,01	2,34	Высокое значение
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,14-0,71	0.0	Значение отсутствует
Odoribacter laneus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Odoribacter_splanchnicus	0,09-0,52	0.0	Значение отсутствует
Roseburia	0,24-1,18	1,20	Высокое значение
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,63	Высокое значение
Ruminococcus	0,17-1,64	0,16	Низкое значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus	0,08-0,55	0,02	Низкое значение
Streptococcus salivarius	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_thermophilus	0,001-0,50	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_vestibularis	0,001-0,50	0.0	Значение отсутствует
Victivallis	0,0001-0,05	0.0	Значение отсутствует
Victivallis vadensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Потенциал производства аммиака		Средний	
Бактерии, продуценты ТМА⁶			
Bilophila	0,05-0,36	0.0	Значение отсутствует
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0.0	Значение отсутствует
Blautia	0,25-1,06	0,71	Среднее значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_asparagiforme	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium bolteae	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium citroniae	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_clostridioforme	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium symbiosum	0-0	0.0	Значение отсутствует
Collinsella	0,03-1,33	0,20	Среднее значение
Collinsella_bouchesdurhonensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,02-0,66	0,32	Среднее значение
Coprococcus comes	0,0001-0,16	0,32	Высокое значение
Desulfovibrio	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_fairfieldensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Dorea	0,10-0,40	0,34	Среднее значение
Dorea longicatena	0,04-0,26	0,33	Высокое значение
Escherichia	0,02-0,47	11,77	Высокое значение
Escherichia coli	0,002-0,10	0.0	Значение отсутствует
Escherichia flexneri	0,001-0,50	0.0	Значение отсутствует
Hungatella hathewayi	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	2,34	Высокое значение
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Lachnoclostridium	0,13-0,54	1,26	Высокое значение
Parasutterella	0,01-0,65	2,58	Высокое значение
Parasutterella_excrementihomini	0,001-0,30	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Phocea	0,0001-0,001	0.0	Значение отсутствует
Phocea massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Потенциал производства тма		Средний	
Бактерии, продуценты гистамина			
Bacteroides fragilis	0,0001-0,25	0.0	Значение отсутствует

⁶ Триметиламин — это соединение, производимое некоторыми кишечными бактериями при переработке L-карнитина и холина, которое окисляется в печени до триметиламин-п-оксида (ТМАО). Повышенный уровень ТМАО является фактором риска развития метаболических нарушений, сердечно-сосудистых заболеваний, атеросклеротических изменений, сахарного диабета 2 типа.

Bacteroides nordii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides oleciplenus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides salyersiae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides_stercorisoris	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium perfringens	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella lenta	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella timonensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Fusobacterium ulcerans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter_massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter_pamelaeae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter_urolithinfaciens	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Haemophilus pittmaniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	2,34	Высокое значение
Klebsiella aerogenes	0,001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Methanobrevibacter	0,0001-0,005	0.0	Значение отсутствует
Methanobrevibacter_smithii	0,001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Methanospaera	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Methanospaera_cuniculi	0,001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Methanospaera_stadtmanae	0,021-50	0.0	Значение отсутствует
Morganella morganii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Raoultibacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Raoultibacter massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

Потенциал синтеза гистамина
Средний
Бактерии, продуценты ВСАА⁷

Akkermansia	0,0001-3,00	0.0	Значение отсутствует
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,59	0.0	Значение отсутствует
Alistipes	1,05-4,44	5,14	Высокое значение
Alistipes finegoldii	0,0001-0,07	0.0	Значение отсутствует
Alistipes onderdonkii	0,001-0,10	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides	8,18-24,29	55,59	Высокое значение
Bacteroides ovatus	0,0001-0,06	0,14	Высокое значение
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,14	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides_xylanisolvens	0,001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides vulgatus	0,36-5,45	3,22	Среднее значение
Barnesiella	0,0001-1,40	1,05	Среднее значение
Barnesiella_intestinihominis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bilophila	0,05-0,36	0.0	Значение отсутствует
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0.0	Значение отсутствует
Blautia	0,25-1,06	0,71	Среднее значение
Blautia massiliensis	0,0001-0,04	0,03	Среднее значение

⁷ Аминокислоты с разветвленной цепью (ВСАА) являются строительными блоками для мышц, участвуют в регуляции метаболизма глюкозы и жира, а также участвуют в регуляции обмена веществ. в регуляции работы иммунной системы. Они могут быть получены из вашего рациона питания, а также из микробиома вашего кишечника. Тем не менее, правильное количество ВСАА очень важно. Повышенная микробная продукция ВСАА может быть связана с метаболическими нарушениями, риском развития резистентности к инсулину и диабета 2 типа. Исследования показали, что увеличение количества микробных генов для производства ВСАА коррелировало с повышением уровня аминокислот в крови. Сочетание некоторых видов бактерий с "западным типом" диеты и малоподвижным образом жизни связаны с повышенным уровнем ВСАА в плазме и повышенным риском развития метаболических заболеваний.

Blautia obeum	0,0001-0,07	0,13	Высокое значение
Eggerthella	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Eggerthella lenta	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Escherichia	0,02-0,47	11,77	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Lachnospira	0,45-2,04	1,18	Среднее значение
Lachnospira eligens	0,71-1,54	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,14-0,71	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter_splanchnicus	0,09-0,52	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,58-2,46	1,03	Среднее значение
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,34	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides_merdeae	0,0001-0,91	0,0	Значение отсутствует
Prevotella	0,0001-3,35	0,0	Значение отсутствует
Prevotella copri	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Roseburia	0,24-1,18	1,20	Высокое значение
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,63	Высокое значение
Ruminococcus	0,17-1,64	0,16	Низкое значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует

Потенциал синтеза всаа

Средний

B-glucouronidase

Alistipes	1,05-4,44	5,14	Высокое значение
Alistipes senegalensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes ihumii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes shahii	0,0001-0,14	0,52	Высокое значение
Bacteroides	8,18-24,29	55,59	Высокое значение
Bacteroides_cellulosilyticus	0,0001-0,16	0,38	Высокое значение
Bacteroides dorei	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides intestinalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides ovatus	0,0001-0,06	0,14	Высокое значение
Bacteroides uniformis	0,29-2,35	10,40	Высокое значение
Bacteroides_xylanisolvens	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Escherichia	0,02-0,47	11,77	Высокое значение
Faecalibacterium	4,01-8,90	5,07	Среднее значение
Faecalibacterium_prausnitzii	1,60-5,77	3,78	Среднее значение
Lachnospira	0,45-2,04	1,18	Среднее значение
Lachnospira rogosae	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,58-2,46	1,03	Среднее значение
Parabacteroides_johnsonii	0,0001-0,01	1,03	Высокое значение
Parabacteroides_merdeae	0,0001-0,91	0,0	Значение отсутствует
Paraprevotella	0,0001-0,34	0,0	Значение отсутствует
Paraprevotella clara	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Roseburia	0,24-1,18	1,20	Высокое значение
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,63	Высокое значение

ПОТЕНЦИАЛ СИНТЕЗА β-glucouronidase

Средний

Бактерии, продуцирующие сероводород

Bilophila	0,05-0,36	0,0	Значение отсутствует
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_desulfuricans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_fairfieldensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio piger	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Blautia	0,25-1,06	0,71	Среднее значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует

Blautia_hydrogenotrophica	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter freundii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_asparagiforme	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_citroniae	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_symbiosum	0-0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterococcus faecalis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterococcus faecium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Erysipelatoclostridium	0,0001-0,13	0.0	Значение отсутствует
Escherichia	0,02-0,47	11,77	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	2,34	Высокое значение
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Phocea	0,0001-0,001	0.0	Значение отсутствует
Phocea massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Потенциал синтеза сульфатов		Средний	

Пример результата

Оральные бактерии

Данные бактерии обитают в ротовой полости, но могут колонизировать кишечник, что может быть связано с факторами окружающей среды, присутствующие в желудочно-кишечном тракте, такие как желчь и pH (нарушенная кислотность желудка, прием ИПП, воспаление, заболевания, диета). Повышенные значения также могут быть у новорожденных и пожилых людей по причине незрелых или менее функциональных барьеров в организме.

Бактерия	Среднее значение в популяции %	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
Cutibacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Cutibacterium_acnes	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Dialister	0,0001-2,01	0,07	Среднее значение
Dialister_invisus	0,0001-0,006	0,07	Высокое значение
Haemophilus	0,0001-0,07	0,0	Значение отсутствует
Haemophilus_parainfluenzae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Haemophilus_pittmaniae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptoniphilus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptoniphilus_lacrimalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Porphyromonas	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Porphyromonas_gingivalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Porphyromonas_somerae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Prevotella	0,0001-3,35	0,0	Значение отсутствует
Prevotella_bivia	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Prevotella_buccalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Prevotella_corporis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Solobacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Solobacterium_moorei	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus	0,08-0,55	0,02	Низкое значение
Streptococcus_anginosus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_mutans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_oralis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_parasanguinis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_salivarius	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_vestibularis	0-0	0,0	Значение отсутствует
Veillonella	0,0001-0,08	0,01	Среднее значение
Veillonella_atypica	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Veillonella_dispar	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Veillonella_parvula	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Veillonella_dispar/ parvula	0-0	0,0	Значение отсутствует

Патогенная нагрузка

Частью обычной микрофлоры человека, кроме полезных микроорганизмов, являются и условно-патогенные бактерии. Их отличительная черта — потенциальная, а не однозначная, опасность для здоровья. Патогенные качества они проявляют только при определенных обстоятельствах, при которых их количество существенно увеличивается. При этом у большинства людей, особенно городских жителей, эти микроорганизмы часто проявляются при обследованиях. Если на фоне положительных результатов анализов у человека нет симптомов болезни, лечение не прописывается, поскольку антибиотикотерапия может лишь ухудшить состояние. В этом случае человеку рекомендуется укреплять иммунитет и стараться избегать самолечения антибактериальными средствами.

Патогенные бактерии принципиально отличаются от условно-патогенных. Их наличие в организме всегда приводит к развитию заболевания, поэтому даже при обнаруженных в анализе незначительных количествах этих микроорганизмов, назначается лечение.

Классификация бактерий/род/вид	Класс патогенности		Среднее значение в популяции здоровых людей %	Ваш вариант, %	Краткая Интерпретация/ Значение
	ВОЗ ⁸	РФ ⁹			
Патогенные и условно-патогенные бактерии					
Aerobacter aerogenes		4		0.0	Значение отсутствует
Actinomyces albus		4		0.0	Значение отсутствует
Bacillus	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacillus cereus		4		0.0	Значение отсутствует
Brucella	-		0	0.0	Значение отсутствует
Bordetella pertussis		3		0.0	Значение отсутствует
Borrelia		4		0.0	Значение отсутствует
Borrelia recurrentis		3		0.0	Значение отсутствует
Bordetella bronchiseptica		4		0.0	Значение отсутствует
Bordetella parapertussis		4		0.0	Значение отсутствует
Branchamella catarralis		4		0.0	Значение отсутствует
Burkholderia cepacia		4		0.0	Значение отсутствует
Burkholderia thailandensis		4		0.0	Значение отсутствует
Campylobacter	-	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Campylobacter rectus	2		0	0.0	Значение отсутствует
Campylobacter upsaliensis	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Campylobacter fetus		3		0.0	Значение отсутствует
Campylobacter jejuni		3		0.0	Значение отсутствует
Citrobacter	-	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Cronobacter	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

⁸ Международная классификация патогенности, используемая ВОЗ, отличается от существующей в России обратным порядком: микроорганизмы наиболее высокой степени патогенности у них отнесены к IV группе (см. Таблицу 1) 2010 г.

⁹ Постановление Главного государственного санитарного врача РФ от 28.01.2008 N 4 (ред. от 29.06.2011) Об утверждении санитарно-эпидемиологических правил СП 1.3.2322-08 (вместе с СП 1.3.2322-08. Безопасность работы с микроорганизмами III - IV групп патогенности (опасности) и возбудителями паразитарных болезней. Санитарно-эпидемиологические правила) (Зарегистрировано в Минюсте РФ 21.02.2008 N 11197) >Приложение. СП 1.3.2322-08. Безопасность работы с микроорганизмами III - IV групп патогенности (опасности) и возбудителями паразитарных болезней. Санитарно-эпидемиологические правила>Приложение N 1. Классификация микроорганизмов - возбудителей инфекционных заболеваний человека, простейших, гельминтов и ядов биологического происхождения по группам патогенности

Cronobacter sakazakii	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridioides	-	0,000001-0,0001	0.0	Значение отсутствует
Closytidium	-	0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium botulinum		3	0.0	Значение отсутствует
Clostridium bifermentans	2	4	0	Значение отсутствует
Clostridium chauvoei	2		0	Значение отсутствует
Clostridium difficile	2		0	Значение отсутствует
Clostridium fallax	2		0	Значение отсутствует
Clostridium haemolyticum	2	4	0	Значение отсутствует
Clostridium novyi	2	4	0	Значение отсутствует
Clostridium perfringens	2	4	0	Значение отсутствует
Clostridium sordellii	2		0	Значение отсутствует
Clostridium septicum		4	0.0	Значение отсутствует
Clostridium tertium	2		0	Значение отсутствует
Clostridium tetani		3	0.0	Значение отсутствует
Corynebacterium diphtheriae		3	0.0	Значение отсутствует
Eikenella corrodens		4	0.0	Значение отсутствует
Eubacterium endocarditidis		4	0.0	Значение отсутствует
Eubacterium lentum		4	0.0	Значение отсутствует
Eubacterium ventricosum		4	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter	2		0,0001-0,01	Значение отсутствует
Enterobacter aerogenes	2		0	Значение отсутствует
Enterobacter amnigenus	2		0	Значение отсутствует
Enterobacter asburiae	2		0,0001-0,01	Значение отсутствует
Enterobacter cancerogenus	2		0,0001-0,01	Значение отсутствует
Enterobacter taylorae	2		0	Значение отсутствует
Enterobacter cloacae	2		0,0001-0,01	Значение отсутствует
Enterobacter cowanii	2		0	Значение отсутствует
Enterobacter hormaechei	2		0	Значение отсутствует
Enterobacter kobei	2		0	Значение отсутствует
Enterobacter ludwigii	2		0	Значение отсутствует
Escherichia/Shigella	-		0,02-0,47	Высокое значение
Escherichia coli	2	4	0	Значение отсутствует
Escherichia albertii	2		0	Значение отсутствует
Escherichia fergusonii	2		0	Значение отсутствует
Enterococcus			0,0001-0,01	Значение отсутствует
Enterococcus hirae	2		0	Значение отсутствует
Enterococcus faecalis		4	0,0001-0,01	Значение отсутствует
Enterococcus faecium		4	0,0001-0,01	Значение отсутствует
Eggerthella	-		0,0001-0,02	Значение отсутствует
Eggerthella lenta	2		0,0001-0,02	Значение отсутствует
Erysipelothrix rhusiopathiae		3		Значение отсутствует
Flavobacterium		4		Значение отсутствует
meningosepticum				
Fusobacterium	-		0,0001-0,01	Значение отсутствует
Fusobacterium nucleatum			0,0001-0,01	Значение отсутствует
Fusobacterium naviforme	2		0	Значение отсутствует
Fusobacterium necrophorum	2		0,0001-0,01	Значение отсутствует
Fusobacterium varium	2		0,0001-0,01	Значение отсутствует
Haemophilus	-		0,0001-0,07	Значение отсутствует
Haemophilus influenzae		4		Значение отсутствует
Hafnia alvei		4		Значение отсутствует
Helicobacter	-		0,0001-0,01	Значение отсутствует
Helicobacter bizzozeronii	2		0	Значение отсутствует
Helicobacter canadensis	2		0	Значение отсутствует

<i>Helicobacter canis</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Helicobacter cinaedi</i> (<i>Campylobacter cinaedi</i>)	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Helicobacter felis</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Helicobacter pullorum</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Helicobacter pylori</i>	3	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Legionella pneumophila</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Leptospira interrogans</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Listeria monocytogenes</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Klebsiella</i>	-	0,0001-0,01	2,34	Высокое значение
<i>Klebsiella ozaenae</i>	4		0.0	Значение отсутствует
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2	4	0,0001-0,01	Значение отсутствует
<i>Klebsiella mobilis</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Klebsiella oxytoca</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Klebsiella variicola</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Klebsiella rhinoscleromatis</i>	4		0.0	Значение отсутствует
<i>Neisseria</i>	-	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Neisseria meningitidis</i>	3	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Nocardia</i>	-	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Nocardia asteroides</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Nocardia brasiliensis</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Mycobacterium</i>	4		0.0	Значение отсутствует
<i>Mycoplasma</i>	-	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Morganella</i>	-	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Morganella morganii</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Staphylococcus</i>	-	4	0,0001-0,01	Значение отсутствует
<i>Staphylococcus hominis</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Staphylococcus caprae</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Staphylococcus aureus</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Staphylococcus schleiferi</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Streptococcus</i>	-	4	0,08-0,55	Низкое значение
<i>Streptococcus acidominimus</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Streptococcus agalactiae</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Streptococcus mutans</i>	2	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Streptococcus equi</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Streptococcus intermedius</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Salmonella</i>	2	4	0,0001-0,01	Значение отсутствует
<i>Salmonella typhimurium</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Salmonella Typhi</i>	3	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Salmonella paratyphi</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Pasteurella multocida</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Proactinomyces israelii</i>	3		0.0	Значение отсутствует
<i>Proteus</i>	-	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Proteus mirabilis</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Providencia</i>	-	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Providencia alcalifaciens</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует
<i>Pseudomonas</i>	-	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	2	0	0.0	Значение отсутствует

Parvimonas			0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas canoris	2		0	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas gingivalis	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas levii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus anaerobius	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus vaginalis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Sphingomonas	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Treponema	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Treponema pallidum	2	3	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio	-	4	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio cholerae	2	2	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio cincinnatiensis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio fluvialis	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio furnissii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio metschnikovii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio mimicus	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio parahaemolyticus	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio vulnificus	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia	-		0,000001-0,0001	0.0	Значение отсутствует
Yersinia aldovae	1		0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia aleksiciae	2		0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia enterocolitica	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia frederiksenii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia pseudotuberculosis	2	3	0	0.0	Значение отсутствует
Bacillus anthracis	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Brucella melitensis	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Burkholderia mallei	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Burkholderia pseudomallei	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Chlamydophila psittaci	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Coxiella burnetii	3		0	0.0	Значение отсутствует
Francisella tularensis	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium avium	3	3		0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium africanum	3		0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium bovis	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium caprae	3		0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium leprae	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium microti	3		0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium pinnipedii	3		0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium tuberculosis	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium ulcerans	3		0	0.0	Значение отсутствует
Orientia tsutsugamushi	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia		3		0.0	Значение отсутствует
Rickettsia africae	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia akari	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia australis	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia canadensis	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia conorii	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia heilongjiangensis	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia japonica	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia montanensis	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia prowazekii	3	2	0	0.0	Значение отсутствует

Rickettsia rickettsii	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia sibirica	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia typhi	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Shigella dysenteriae	3		0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia pestis	3		0	0.0	Значение отсутствует

Случайные находки (заполняется в ручном режиме)

Следует помнить, что даже при обнаружении условно-патогенных штаммов без клинической картины и симптомом инфекции **не требуется назначения антибиотикотерапии**, в некоторых случаях рекомендован прием пробиотических препаратов и улучшение микробиоценоза кишечника за счет питания и образа жизни.

Пробиотические бактерии проявляют свое действие за счет следующих механизмов:

- Непосредственная конкуренция с патогенами за основные питательные вещества и рецепторы адгезии, создание колонизационной резистентности.
- Прямой антагонизм через естественную экскрецию противомикробных препаратов.
- Снижение pH до уровня, при котором патогены не могут эффективно конкурировать.

Применение антибиотиков в крайней необходимости и строго по назначению врача.

Бесконтрольное использование антибиотиков может привести к резкому снижению и потере основных родов филометаболического ядра, потере важнейших функций микробиома, в частности выработка противовоспалительных, противоонкологических и энергетических метаболитов, резкому снижению иммуномодулирующей функции микробиоты. Следствием такого дисбаланса является высокий риск возникновению аутоиммунных заболеваний, аллергий, появление антибиотико-резистентных штаммов бактерий и ещё большей патогенной нагрузки. Некоторые роды полезных бактерий могут исчезнуть навсегда, восстановить их будет невозможно.

У здоровых молодых людей микрофлора кишечника восстанавливается в среднем в течение 6 месяцев после приема антибиотиков. После некоторых антибиотиков микробиом восстанавливается в течение 1 года и более. Идет постепенное заселение бактериями. Однако первыми восстанавливаются патогенные бактерии с наиболее устойчивыми генами к антибиотикам. «Лидерами» по скорости восстановления являются бактерии с болезнетворными свойствами, что объясняет расстройства желудочно-кишечного тракта после приема лекарств. Некоторые полезные бактериальные виды исчезают полностью, под воздействием лекарств. Их невозможно обнаружить даже спустя 180 дней.

Кишечный микробиом обладает способностью сохранять «память» о предшествующих стрессах. Введение антибиотиков в раннем детском возрасте может в последующем привести к развитию болезни Крона, астмы и ожирения.

Таблица 1

Группа риска		Название группы риска	Оценка риска
ВОЗ	РФ		
Группа риска I	Группа риска IV	Отсутствие или низкая индивидуальная и общественная опасность	Микроорганизм, потенциально не являющийся возбудителем заболеваний человека или животных
Группа риска II	Группа риска III	Умеренная индивидуальная опасность, низкая общественная опасность	Патогенный микроорганизм, который может вызвать заболевание, но не представляет серьёзного риска для персонала, населения, домашнего скота или окружающей среды. Неосторожность в лаборатории может вызвать инфекцию, однако существуют доступные лечебные и профилактические меры. Риск распространения ограничен.
Группа риска III	Группа риска II	Высокий индивидуальный и низкий общественный риск	Патогенный агент, который обычно вызывает серьёзное заболевание человека или животных, но, как правило, не распространяется от больного к здоровому. Существуют эффективные лечебно-профилактические процедуры.
Группа риска IV	Группа риска I	Высокий индивидуальный и общественный риск	Патогенный агент вызывает обычно серьёзное заболевание у человека или животных и легко распространяется от больного к здоровому или опосредованно. Эффективных мер в большинстве случаев не существует.

Выводы:

Бактерия	Высокое значение	Среднее значение	Низкое значение	Отсутствие или крайне низкое
Потенциал патогенности микробиоты				
Патогенная нагрузка		✓		
Потенциал развития кишечной инфекции		✓		
Потенциал нарушения орально-кишечного барьера		✓		
Потенциал воспаления		✓		
Протективный потенциал микробиоты				
Бактерии, препятствующие колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками		✓		
Бактерии, показатели здорового метаболизма и здорового слизистого барьера		✓		
Бактериальные композиции				
Бутират-продуцирующие бактерии	✓			
Бактерии, продуцирующие ацетат	✓			
Бактерии, продуцирующие пропионат	✓			
Бактерии, продуцирующие валериат	✓			
Бактерии, продуцирующие метан	✓			
Бактерии, продуцирующие аммоний	✓			
Бактерии, продуцирующие ТМА	✓			
Бактерии, продуцирующие ВСАА	✓			
Бактерии, продуцирующие гистамин	✓			
Бактерии, продуценты молочной кислоты	✓			
Бактерии, продуцирующие β -glucouronidase	✓			
Бактерии, продуцирующие сероводород	✓			
Сульфатредуцирующие бактерии	✓			
Другое (раздел под специальный запросы)				

Функциональные бактерии

1. Высокое значение *Bacteroides*. Наиболее распространенный род бактерий кишечника. Используют олиго-, полисахариды, резистентный крахмал, а также белок и муцин слизистого слоя. Бактероиды поддерживают нормальное функционирование кишечника, моделируют его функции, способствуют усвоению питательных веществ, диверсифицируют кишечную микробиоту. Высокое значение может быть связано с «западной диетой», содержащей много мясных продуктов, животных жиров и сахара. Некоторые виды бактерий из родов *Bacteroides* ассоциированы с плохим здоровьем кишечника. Данные бактерии кроме сукцинатов и КЖЦК, способны к выработке аминокислот с разветвленной цепью, ВСАА (валин, лейцин, изолейцин), которые могут быть связаны с метаболическими нарушениями и воспалительными процессами. Необходимо сопоставить результаты анализа с диетой.

2. Отсутствует/крайне низкое значение/не идентифицирован *Akkermansia*. Данная бактерия ассоциируется со здоровым метаболическим статусом и здоровым слизистым барьером кишечника. Данная бактерия живет в слизистой оболочке кишечника и использует слизь в качестве основного источника энергии, играет важную роль в регулировании оборота слизи в кишечнике, поддерживая здоровый слизистый барьер. Основные продукты метаболизма: пропионат короткоцепочечных жирных кислот. Необходимо повысить уровень бактерии за счет источников питания данной бактерии: ФОС (фруктоолигосахариды), полифенолы.

3. Отсутствует/крайне низкое значение/не идентифицирован *Bifidobacterium*. Род молочнокислых бактерий с пробиотическими свойствами. Бифидобактерии выделяют лактат и ацетат, который используется другими бактериями для производства полезного метаболита - бутират. Также Бифидобактерии обладают иммуномодулирующими, защитными и противовоспалительными свойствами. Низкое значение может быть связано с рядом факторов: диета, антибиотикотерапия, возраст и др., а также генетически детерминировано.

**Условно-патогенные и патогенные бактерии, которые могут вызывать заболевания только при наличии генов патогенности.
Необходимо сопоставить результаты с анамнезом и клинической картиной.**

4. Выявлена *Escherichia/Shigella* в высоком значении. Большинство бактерий данного рода являются безопасными, распространеными членами микробиоты кишечника, существуют в симбиозе с хозяином и обеспечивают устойчивость к патогенным бактериям, способны вырабатывать вит. К. Данные бактерии имеют клиническое значение лишь при высоких показателях, чрезмерном росте. Кишечная палочка в большом количестве связана с деградацией муцина и увеличением кишечной проницаемости, возможен риск развития дефицита железа при увеличении популяции бактерий. Самый распространенный вид - *Escherichia coli*. Данный вид является обычным обитателем кишечника, хотя обычно он присутствует в небольшом количестве по сравнению с другими нормальными видами кишечника. Этот вид охватывает большое количество штаммов с разнообразными свойствами; существуют абсолютно - патогенные штаммы, которые являются причиной желудочно-кишечных инфекций и инфекций мочевыводящих путей. Однако большинство штаммов не являются вредными. В рамках 16S rРНК секвенирования штаммы не отображаются. Результаты анализа необходимо сопоставить с клинической картиной.

*Секвенирование 16S rРНК имеет ограничения в идентификации близкородственных групп, таких как *Escherichia coli* и *Shigella*. Результаты анализа необходимо сопоставить с клинической картиной. При наличии клинических проявлений и симптомов диареи необходима дифференциация *Shigella spp.* от *Escherichia coli* и уточняющая идентификация возбудителя.

5. Выявлена *Klebsiella*. Обнаружение *Klebsiella* в желудочно-кишечном тракте человека, в общем случае, не требует лечения. Она является условно-патогенным представителем микробиоты кишечника, не вызывает клинических проявлений, когда определяется в переделах нормы. Встречается носительство данной бактерии. Способна вызывать клинические проявления болезни у детей и взрослых только при большом количестве, т.е опасность представляет не столько сам возбудитель, сколько его количество. При нарушении функционирования органов желудочно-кишечного тракта или в результате внешних воздействий, а также антибиотикотерапии побочным действием которой является подавление основных

представителей нормальной микрофлоры желудочно-кишечного тракта, возможен рост клебсиеллы. В повышенном количестве может приводить к развитию колита, а также может быть маркером хронического панкреатита. Некоторые виды также могут вызывать пневмонию, урогенитальные инфекции, в том числе у новорождённых, у ослабленных и пожилых. *Klebsiella* обладает резистентностью к большинству существующих антибактериальных препаратов. Лечение антибиотиками не только не целесообразно, но и представляет опасность увеличения патогенной нагрузки.

Выявленные бактерии в низких значениях могут говорить о ранее перенесенной инфекции, о бактериальном носительстве или транзиторной микробиоме.

Пример результата

Соотношение основных родов

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Bacteroides	55,59	Blautia	0,71	Flavonifractor	0,08
Escherichia/Shigella	11,77	Subdoligranulum	0,65	Dialister	0,07
Alistipes	5,14	Oscillibacter	0,56	Negativibacillus	0,05
Faecalibacterium	5,07	Monoglobus	0,47	UBA1819	0,04
Phascolarctobacteri um	2,70	Dorea	0,34	Lachnospiraceae_N	0,03
Parasutterella	2,58	Lachnospiraceae_N	0,34	D3007_group	
Klebsiella	2,34	K4A136_group		Oscillospira	0,03
Agathobacter	1,75	Coprococcus	0,32	Streptococcus	0,02
Lachnoclostridium	1,26	Butyricicoccus	0,30	Incertae_Sedis	0,01
Unclassified	1,22	Lachnospiraceae_U	0,29	Veillonella	0,01
Roseburia	1,20	CG-010		Harryflintia	0,01
Lachnospira	1,18	Collinsella	0,20	Christensenellaceae	0,009
Barnesiella	1,05	Lachnospiraceae_U	0,18	_R-7_group	
Parabacteroides	1,03	CG-004		Clostridium_sensu_s	0,009
UCG-002	0,92	Colidextribacter	0,16	tricto_1	
		Ruminococcus	0,16		
		Fusicatenibacter	0,12		

Соотношение основных видов

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Unclassified	26,37	<i>is/pneumoniae</i>		<i>s</i>	
<i>Bacteroides_dorei/vul-</i> <i>gatus</i>	12,43	<i>Alistipes_finegoldii/on-</i> <i>derdonkii</i>	0,53	<i>Veillonella_tobetsuens-</i> <i>is</i>	0,01
<i>Bacteroides_massiliens-</i> <i>sis</i>	10,85	<i>Alistipes_shahii</i>	0,52	<i>Harryflintia_acetispor-</i> <i>a</i>	0,01
<i>Bacteroides_uniformis</i>	10,40	<i>Lachnospira_pectinosc-</i> <i>hiza</i>	0,51	<i>Clostridium_sensu_stri-</i> <i>cto_1_perfringens/ther-</i> <i>mophilus</i>	0,009
<i>Escherichia/Shigella_a-</i> <i>lbertii/boydii/coli/dys-</i> <i>enteriae/fergusonii/fle-</i> <i>xneri/marmotae/sonn-</i> <i>ei</i>	7,02	<i>Blautia_obeum/wexler-</i> <i>ae</i>	0,44		
		<i>Bacteroides_cellulosily-</i> <i>ticus/intestinalis</i>	0,38		
		<i>Klebsiella_pneumoniae/variicola</i>	0,38		
<i>Alistipes_putredinis</i>	4,02				
<i>Escherichia/Shigella_c-</i> <i>oli</i>	3,98	<i>Lachnoclostridium_ed-</i> <i>ouardi</i>	0,37		
<i>Faecalibacterium_pra-</i> <i>usnitzii</i>	3,78	<i>Dorea_longicatena</i>	0,33		
<i>Bacteroides_vulgatus</i>	3,22	<i>Coprococcus_comes</i>	0,32		
<i>Phascolarctobacteriu-</i> <i>m_faecium</i>	2,70	<i>Klebsiella_aerogenes/-</i> <i>granulomatis/oxytoca/-</i> <i>/pneumoniae/quasipneu-</i> <i>moniae/variicola</i>	0,31		
<i>Bacteroides_fragilis/xy-</i> <i>lanisolvans</i>	1,56	<i>Klebsiella_oxytoca/pneu-</i> <i>moniae/quasipneumoniae/quasivariicola</i>	0,27		
<i>Faecalibacterium_cf./</i> <i>prausnitzii</i>	1,29	<i>/variicola</i>			
<i>Bacteroides_faecis/the-</i> <i>taiotaomicron</i>	1,29	<i>Lachnospiraceae_NK4</i>	0,25		
<i>Parasutterella_excrem-</i> <i>entihominis</i>	1,13	<i>A136_group_bacteriu-</i> <i>m</i>			
<i>Parabacteroides_johns-</i> <i>onii</i>	1,03	<i>Collinsella_aerofaciens</i>	0,20		
<i>Klebsiella_aerogenes/-</i> <i>oxytoca/pneumoniae/-</i> <i>quasivariicola/variicol-</i> <i>a</i>	0,82	<i>Bacteroides_ovatus/xy-</i> <i>lanisolvans</i>	0,17		
<i>Escherichia/Shigella_a-</i> <i>lbertii/coli</i>	0,77	<i>Bacteroides_ovatus</i>	0,14		
<i>Roseburia_intestinalis</i>	0,63	<i>Blautia_obeum</i>	0,13		
<i>Roseburia_inulinivora-</i> <i>ns</i>	0,56	<i>Blautia_faecis</i>	0,07		
<i>Klebsiella_granulomat-</i>	0,55	<i>Dialister_invisus</i>	0,07		
		<i>Alistipes_massiliensis</i>	0,07		
		<i>Bacteroides_clarus</i>	0,05		
		<i>Blautia_massiliensis</i>	0,03		
		<i>Dorea_formicigeneran</i>	0,02		

ВЫПИСКА В МЕДИЦИНСКУЮ КАРТУ РЕКОМЕНДАЦИИ ДЛЯ ЛЕЧАЩЕГО ВРАЧА

По результатам секвенирование микробиома методом 16S рРНК

Ф.И.О. : Пример Результата

Дата рождения : 01.01.2000

Пол: мужской

Рекомендации по пробиотической коррекции

- ***Enterococcus faecium L3¹*** обладает выраженной антагонистической активностью в отношении большинства грамположительных и грамотрицательных условно-патогенных и патогенных бактерий. Обладает способностью восстанавливать микробиоценоз кишечника на фоне дисбиотических состояний, а также оказывать иммуномодулирующее действие на организм человека. Многочисленные клинические апробации доказали эффективность штамма в коррекции дисбионаза, подавлении воспаления, улучшении обменных процессов, улучшении самочувствия и состояния больных с различными заболеваниями, увеличение популяции полезных бактерий.
- ***Bifidobacterium Animalis ssp. Lactis B420²*** помогает контролировать аппетит, уровень глюкозы в крови и массу тела
- ***Lactococcus lactis KF-140³***
Lactococcus lactis KF-140 вырабатывает ферменты, которые способствуют снижению в организме гликотоксинов AGEs, уменьшает видимые признаки старения организма, способствует накоплению здорового коллагена, снижает риск развития сахарного диабета второго типа, нормализует липидный состав крови, нормализует кишечную микробиому, увеличивает разнообразие кишечного микробного состава,

¹ Препараты: Жидкая закваска «Авена Био», Эппендорф «Авена Био», Микробиом Норма

² UltraFlora Control, Essential Probiotics. Metbifid.

³ AntiAge Biome

Рассмотреть применение следующих пробиотиков:

Данные пробиотические штаммы оказывают поддержку в контроле веса в рамках здорового образа жизни с низкокалорийной диетой и регулярными физическими упражнениями.

- ***Akkermansia muciniphila***⁴ улучшает барьерную функцию кишечника, участвует в иммунной регуляции, предотвращает увеличение веса, увеличивает выработку кишечного гормона GLP-1, улучшает метаболизм жировой ткани, снижает системное воспаление, модулирует метаболизм липопротеинов и глюкозы в печени, влияет на сигнальные молекулы: инкретины и эндоканнабиноиды
- ***Lactobacillus acidophilus (CUL-60 & CUL-21)*, *Lactobacillus plantarum (CUL-66)*, *Bifidobacterium animalis subsp. lactis (CUL-34)*, *Bifidobacterium bifidum (CUL-20)***⁵- клинически изученный пробиотик для здорового контроля веса, содержит пять запатентованных человеческих штаммов. Способствует поддержанию здорового веса тела, ИМТ и окружности талии. Влияет на липидный обмен. Повышает показатели качества жизни, включая общее самочувствие и состояние здоровья, энергии и настроения. Поддерживает здоровье верхних дыхательных путей и желудочно-кишечного тракта

Схему пробиотической коррекции необходимо согласовать с лечащим врачом

Противопоказания: индивидуальная непереносимость компонентов

При возникновении неблагоприятных симптомов, усилении симптомом диареи, газообразования, болей, аллергических симптомов прекратить приём препаратов и обсудить с врачом дальнейшую терапию.

➤ Пробиотические продукты		1 мес				2 мес				3 мес			
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Пероральные пробиотики													
<i>Enterococcus faecium L3</i>	Микробиом норма Закваска Аяено Био												
<i>Bifidobacterium Animalis ssp. <i>Lactis</i> B420</i>	<i>UltraFlora Control, Essential Probiotics. Metbifid</i>												
<i>Lactococcus lactis KF-140</i>	<i>AntiAge Biome</i>												

⁴ Pendulum, Inner Brightness

⁵ HMF Metabolic