



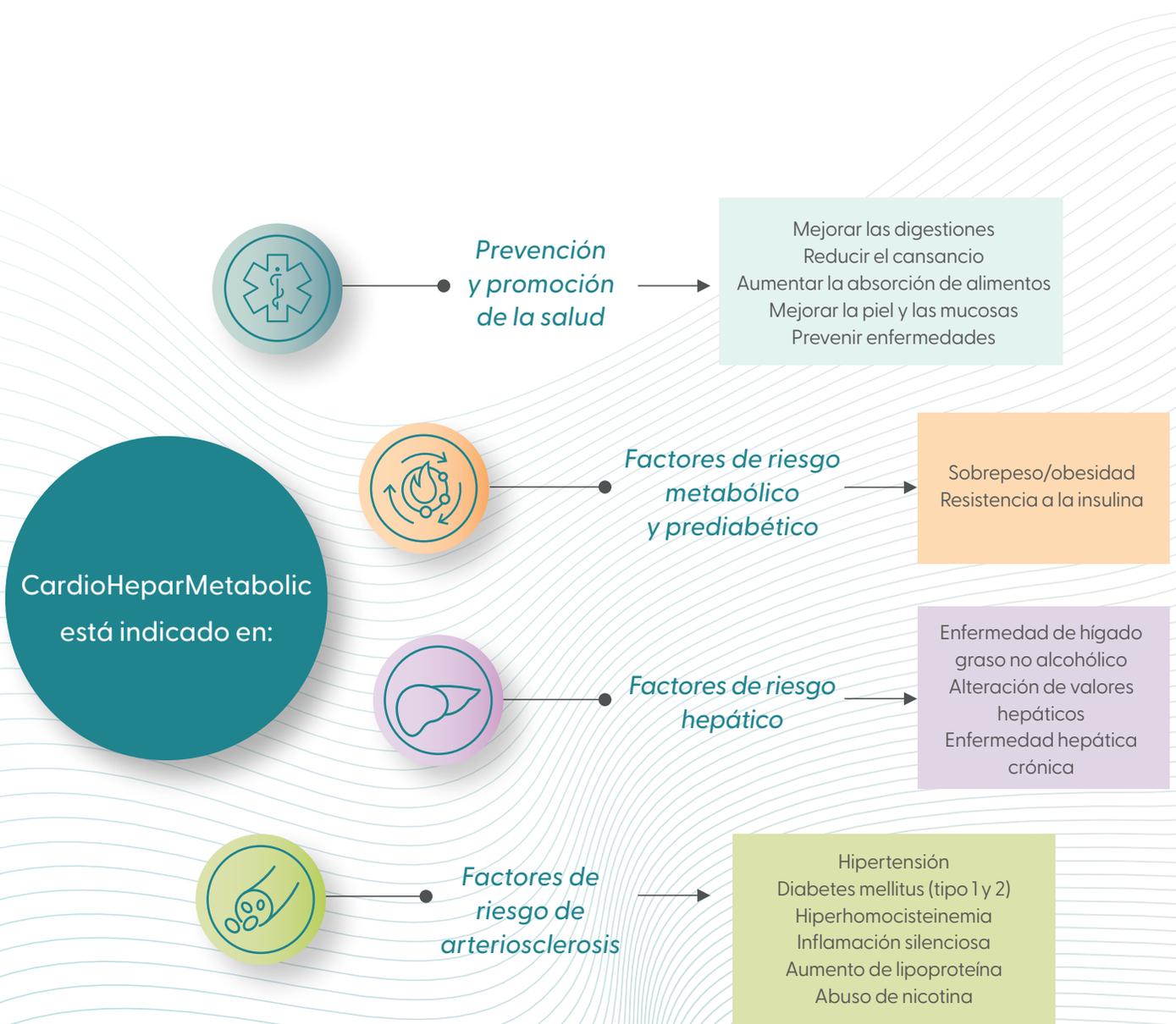
# CardioHeparMetabolic

Detecta riesgos metabólicos,  
hepáticos y cardiovasculares  
asociados al intestino

## ¿Qué es CardioHeparMetabolic?

CardioHeparMetabolic analiza los **principales grupos funcionales de la microbiota** para determinar su estabilidad funcional. Adicionalmente, identifica cambios en la microbiota intestinal y productos metabólicos específicos que representan un riesgo para el desarrollo de **arteriosclerosis, enfermedad de hígado graso no alcohólico (EHGNA) y diabetes tipo 2**.

La **evaluación** de estos riesgos resulta beneficiosa tanto para quienes sufren de enfermedades cardiovasculares, hepáticas y/o metabólicas como para prevenir su aparición y promover la salud.



## ¿Qué parámetros de riesgo analiza?

### Parámetros específicos de riesgo

#### Riesgo Cardiovascular



##### Bacterias productoras de TMA

El TMA es un gas que se oxida rápidamente a TMAO, un metabolito esencial en la patogénesis de la arteriosclerosis. El TMAO influye en el metabolismo del colesterol y de los ácidos biliares, aumenta la actividad plaquetaria y causa inflamación en la pared vascular. El aumento de bacterias productoras de TMA fomenta el desarrollo de la arteriosclerosis.

#### Riesgo Hepático



##### *Bilophila wadsworthia*

Promueve la inflamación intestinal y aumenta el riesgo de desarrollar EHGNA en contextos de dietas ricas en grasas.



##### Ácidos grasos ISO

Son productos derivados de la descomposición bacteriana de proteínas y aminoácidos en el intestino cuyo aumento puede dañar la función hepática, incrementando el riesgo de desarrollar EHGNA.

#### Riesgo Metabólico



##### *Prevotella copri*

Promueve la resistencia a la insulina y produce AACRs que actúan como fuente de nutrientes y energía para los adipocitos. Un incremento en sus niveles se asocia con patologías metabólicas como la diabetes.



##### Propionato

Ácido graso de cadena corta (AGCC) que aumenta la saciedad y mejora la sensibilidad a la insulina. Su disminución puede aumentar el riesgo de desarrollar obesidad, síndrome metabólico y diabetes tipo 2.



##### Acetato

AGCC que aumenta la sensación de hambre y promueve el almacenamiento de grasa, favoreciendo la aparición de patologías como la obesidad, el síndrome metabólico y condiciones asociadas.

### Parámetros generales



##### Microbiota portadora de LPS

Los LPS tóxicos tienen el potencial de causar hiperpermeabilidad intestinal, lo que puede desencadenar en una endotoxemia metabólica. Su aumento eleva el riesgo de desarrollar condiciones como obesidad, diabetes tipo 2, arteriosclerosis y EHGNA.



##### Butirato

AGCC que previene el desarrollo de arteriosclerosis, diabetes tipo 2 y enfermedad de hígado graso no alcohólico, entre otras patologías.

PACIENTE: NOMBRE Y APELLIDOS

SEXO: FEMENINO

FECHA DE RECEPCIÓN: XX/XX/XX

Nº DE MUESTRA: XX/H/XXXXX

FECHA DE NACIMIENTO: XX/XX/XXXX

FECHA DE EXTRACCIÓN: XX/XX/XX

	Resultado	Unidad												Interpretación	Valores Ref.	Método
		10 <sup>2</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>7</sup>	10 <sup>8</sup>	10 <sup>9</sup>	10 <sup>10</sup>	10 <sup>11</sup>	10 <sup>12</sup>				
Escherichia coli	5 x 10 <sup>5</sup> UFC/g				↓									ALTERADO ↓	≥ 1x10 <sup>6</sup>	CUL
Enterococcus spp.	2 x 10 <sup>5</sup> UFC/g				↓									ALTERADO ↓	≥ 1x10 <sup>6</sup>	CUL

	Resultado	Unidad												Interpretación	Valores Ref.	Método
		10 <sup>2</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>7</sup>	10 <sup>8</sup>	10 <sup>9</sup>	10 <sup>10</sup>	10 <sup>11</sup>	10 <sup>12</sup>				
Bacteroides spp.	2 x 10 <sup>9</sup> copias/g												●	NORMAL ✓	≥ 1x10 <sup>9</sup>	PCR
Bifidobacterium spp.	1 x 10 <sup>8</sup> copias/g												●	NORMAL ✓	≥ 1x10 <sup>8</sup>	PCR
Lactobacillus spp.	3 x 10 <sup>5</sup> UFC/g				●									NORMAL ✓	≥ 1x10 <sup>5</sup>	CUL
H2O2-Lactobacillus	<1 x 10 <sup>4</sup> UFC/g			↓										ALTERADO ↓	≥ 1x10 <sup>5</sup>	CUL

	Resultado	Unidad												Interpretación	Valores Ref.	Método
		10 <sup>2</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>7</sup>	10 <sup>8</sup>	10 <sup>9</sup>	10 <sup>10</sup>	10 <sup>11</sup>	10 <sup>12</sup>				
Faecalibacterium prausnitzii	2 x 10 <sup>9</sup> copias/g												●	NORMAL ✓	≥ 1x10 <sup>9</sup>	PCR
Akkermansia muciniphila	1 x 10 <sup>4</sup> copias/g			↓										ALTERADO ↓	≥ 1x10 <sup>8</sup>	PCR

	Resultado	Unidad												Interpretación	Valores Ref.	Método
		10 <sup>2</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>7</sup>	10 <sup>8</sup>	10 <sup>9</sup>	10 <sup>10</sup>	10 <sup>11</sup>	10 <sup>12</sup>				
Bifidobacterium adolescentis	<1 x 10 <sup>3</sup> copias/g		↓											ALTERADO ↓	≥ 1x10 <sup>8</sup>	PCR
Ruminococcus bromii	1 x 10 <sup>7</sup> copias/g												↓	ALTERADO ↓	≥ 1x10 <sup>8</sup>	PCR

	Resultado	Unidad												Interpretación	Valores Ref.	Método
		10 <sup>2</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>7</sup>	10 <sup>8</sup>	10 <sup>9</sup>	10 <sup>10</sup>	10 <sup>11</sup>	10 <sup>12</sup>				
Bifidobacterium longum	6 x 10 <sup>7</sup> copias/g												↓	ALTERADO ↓	≥ 1x10 <sup>8</sup>	PCR
Bifidobacterium adolescentis	1 x 10 <sup>8</sup> copias/g												●	NORMAL ✓	≥ 1x10 <sup>8</sup>	PCR
Lactobacillus plantarum	3 x 10 <sup>4</sup> copias/g			↓										ALTERADO ↓	≥ 1x10 <sup>7</sup>	PCR

	Resultado	Unidad												Interpretación	Valores Ref.	Método
		10 <sup>2</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>7</sup>	10 <sup>8</sup>	10 <sup>9</sup>	10 <sup>10</sup>	10 <sup>11</sup>	10 <sup>12</sup>				
E. coli Biovare	<1 x 10 <sup>4</sup> UFC/g				●									NORMAL ✓	≤ 1 x 10 <sup>4</sup>	CUL
Proteus spp.	<1 x 10 <sup>4</sup> UFC/g				●									NORMAL ✓	≤ 1 x 10 <sup>4</sup>	CUL
Pseudomonas spp.	6 x 10 <sup>5</sup> UFC/g												↑	ALTERADO ↑	≤ 1 x 10 <sup>4</sup>	CUL
Otros microorganismos proteolíticos	2 x 10 <sup>5</sup> UFC/g												↑	ALTERADO ↑	≤ 1 x 10 <sup>4</sup>	CUL
Clostridium spp.	<1 x 10 <sup>3</sup> UFC/g				●									NORMAL ✓	< 5 x 10 <sup>4</sup>	CUL

	Resultado	Grado de Alteración				Interpretación	Valores Ref.	Método
		ONO	1 DÉBIL	2 MEDIO	3 ALTO			
Candida albicans	<1 x 10 <sup>4</sup> UFC/g		●			NORMAL ✓	< 1x10 <sup>4</sup>	CUL
Penicillium spp.	3					↑		CUL

PACIENTE: NOMBRE Y APELLIDOS

SEXO: FEMENINO

FECHA DE RECEPCIÓN: XX/XX/XX

Nº DE MUESTRA: XX/H/XXXXX

FECHA DE NACIMIENTO: XX/XX/XXXX

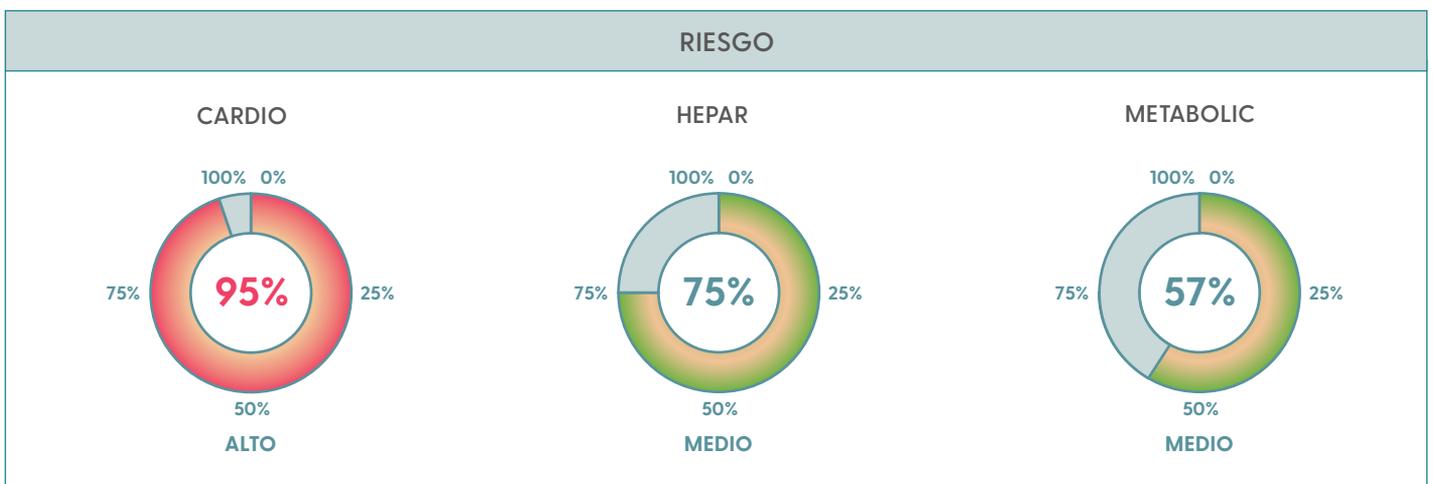
FECHA DE EXTRACCIÓN: XX/XX/XX

		10 <sup>2</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>7</sup>	10 <sup>8</sup>	10 <sup>9</sup>	10 <sup>10</sup>	10 <sup>11</sup>	10 <sup>12</sup>				
	NÚMERO TOTAL DE MICROORGANISMOS	1 x 10 <sup>11</sup> copias/g											NORMAL	✓	≥ 1 x 10 <sup>11</sup>	PCR
	CONSISTENCIA DE LAS HECES	Ligeramente Pastosa														
	PH	5,5											ALTERADO		5,8 - 6,5	PH

	Resultado	Interpretación	Valores Ref.	Método	
	ÁCIDOS GRASOS DE CADENA CORTA				
	Ácido acético	63%	ALTERADO ↑	0-60	CG
	Ácido propiónico	19,5%	NORMAL ✓	10-25	CG
	Ácido butírico	8,7%	ALTERADO ↓	≥ 10	CG
	Ácidos grasos ISO	6,5%	ALTERADO ↑	≤ 5,6	CG

	Resultado	Interpretación	Valores Ref.	Método	
	<i>Prevotella copri</i>	< 1 x 10 <sup>7</sup> copias/g	NORMAL ✓	< 1 x 10 <sup>7</sup>	CUL
	Microbiota portadora de LPS	6 x 10 <sup>7</sup> copias/g	ALTERADO ↑	≤ 5 x 10 <sup>7</sup>	CUL
	<i>Bilophila wadsworthia</i>	1 x 10 <sup>8</sup> copias/g	NORMAL ✓	< 1 x 10 <sup>8</sup>	PCR
	Bacterias productoras de TMA	✗ P	PRESENCIA		PCR

	Resultado	Interpretación	Valores Ref.	Método
IMC	44 años / 165 cm / 85 kg	31,2	OBSESIDAD ↑	21-26



## Estudios de microbiota intestinal

¿Qué incluye?		Disbiosis Intestinal	Estudio Avanzado de Salud Intestinal	CardioHepar Metabolic
	Microbiota inmunomoduladora	●	●	●
	Microbiota protectora	●	●	●
	Microbiota muconutritiva	●	●	●
	Microbiota sacarolítica primaria	●	●	●
	Microbiota neuroactiva	●	●	●
	Microbiota proteolítica	●	●	●
	Hongos y levaduras	●	●	●
	Número total de microorganismos	●	●	●
	pH	●	●	●
	Índice de resiliencia	●	●	●
	Tipo FODMAP	●	●	●

### Biomarcadores y parámetros específicos de riesgo

	Permeabilidad: zonulina		●	
	Maldigestión / Malabsorción: ácidos biliares, elastasa pancreática y residuos digestivos		●	
	Inflamación: calprotectina		●	
	Sistema inmune de mucosas: IgAs		●	
<b>LPS</b>	Microbiota portadora de LPS		●	●
	Metabolismo: AGCC		●	●
	Bacterias productoras de TMA <b>NOVEDAD!</b>			●
	<i>Bilophila wadsworthia</i> <b>NOVEDAD!</b>			●
	Ácidos grasos ISO <b>NOVEDAD!</b>			●
	<i>Prevotella copri</i> <b>NOVEDAD!</b>			●

Información reservada a profesionales de la salud.

Documentación elaborada con fines informativos. No intenta reemplazar el consejo o tratamiento médico.

Prohibida la reproducción total o parcial y en cualquier forma, de esta documentación, sin la autorización expresa de Instituto de Microecología Diagnostics S.L.

Puede ampliar más información  
escaneando el código QR

