neobioma luna

Il tuo report Neobioma Luna

Una luce nuova sul tuo intestino



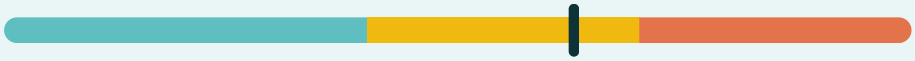
ID report	Analisi	Data
666109	WGS intestinale	06/11/2026

DNA & Salute

Il tuo profilo in sintesi

62,8
su 100

Profilo in allerta



Equilibrio	Allerta	Squilibrio
0–40,0	40,0–70,0	oltre 70,0

Come leggerlo: il punteggio misura quanto il profilo si allontana da quello della popolazione di riferimento. Più è basso, più il profilo è vicino al riferimento. Non è una diagnosi.

I tuoi 36 indicatori a colpo d'occhio



● Nell'intervallo **29** ▲ Sopra l'intervallo **1** ▼ Sotto l'intervallo **6**

Dove il tuo profilo si discosta di più

Prevotella / Bacteroides	▲ Sopra l'intervallo	7,10 rif. 0–0,426
Diversità (indice di Shannon)	▼ Sotto l'intervallo	1,64 rif. 1,99–3,84
Mucolisi	▼ Sotto l'intervallo	6,41 rif. 7,00–24,9
Bacillota / Bacteroidota	▼ Sotto l'intervallo	0,1038 rif. 0,1616–2,90
Gram positivi / Gram negativi	▼ Sotto l'intervallo	0,1055 rif. 0,155–2,90
TMA	▼ Sotto l'intervallo	0,1653 rif. 0,1938–2,44

Sono mostrati i 6 indicatori più lontani dall'intervallo; l'elenco completo è nelle pagine seguenti.

Come leggere le barre



La **fascia colorata** è l'intervallo in cui cade il 90% della popolazione di riferimento (dal 5° al 95° percentile). Il **punto** è il tuo valore: dentro la fascia è nell'intervallo, a sinistra è sotto, a destra è sopra. Essere fuori dall'intervallo non significa avere una malattia: indica una caratteristica da leggere insieme al resto del profilo.

Le tue aree di attenzione

I punti del tuo profilo su cui può valere la pena concentrarsi, in ordine di rilevanza.

1 **Diversità del microbiota**

Una minore varietà di batteri si associa a un intestino meno resiliente. Vari il più possibile le fonti vegetali durante la settimana (verdura, frutta, legumi, cereali integrali, semi). Limiti le diete molto ripetitive.

2 **Indice generale di salute intestinale**

Questo indice sintetico è orientato verso un profilo meno favorevole. Curi un'alimentazione ricca di fibre e povera di cibi ultra-processati e mantenga uno stile di vita attivo.

3 **Somiglianza a un profilo di riferimento sano**

Il suo profilo si discosta da quello di riferimento. Piccoli cambiamenti costanti nella dieta, ricchi di vegetali e fibre, aiutano ad avvicinarlo nel tempo.

4 **Akkermansia muciniphila (barriera intestinale)**

Questo batterio benefico sostiene la barriera intestinale. Fibre, polifenoli (uva, mirtilli, tè verde) e alimenti prebiotici possono favorirne la presenza.

5 **Bifidobatteri e gruppi affini**

Questo gruppo include batteri utili alla digestione. Yogurt e alimenti fermentati freschi, insieme a fibre prebiotiche (cipolla, porro, banana), possono sostenerli.

Indicazioni generali di stile di vita legate ai tuoi risultati: non sostituiscono il parere del medico o del nutrizionista.

La lettura del tuo profilo

Il quadro presenta un profilo in allerta secondo la classificazione del metodo, da leggere in relazione alle componenti ecologiche e ai gruppi funzionali associati. Il metodo riporta un asse Diversity classificato come squilibrio leggero, un asse Metabolic classificato come squilibrio leggero e un asse Inflammatory classificato come squilibrio leggero. Si osserva anche un asse Structural classificato come equilibrio. La discordanza indica che la classificazione globale richiede una lettura per domini, senza estendere il segnale di allerta a ogni componente del campione. Le categorie e gli intervalli appartengono al metodo e non rappresentano categorie diagnostiche; in particolare, la denominazione dell'asse infiammatorio non equivale a una misura di infiammazione. Questo risultato non costituisce una diagnosi.

La composizione evidenzia Segatella copri sopra l'intervallo di riferimento, in associazione a un indice Shannon sotto l'intervallo di riferimento. Questi rilievi descrivono una comunità fortemente concentrata su un taxon dominante, con minore diversità complessiva, che comprende sia la ricchezza sia l'uniformità della distribuzione. I rapporti ecologici mostrano Prevotella/Bacteroides sopra l'intervallo di riferimento, Bacillota/Bacteroidota sotto l'intervallo di riferimento e Gram positivi/Gram negativi sotto l'intervallo di riferimento. La loro concordanza rafforza la lettura di una distribuzione compositiva sbilanciata. Si rilevano inoltre Parabacteroides chongii sopra l'intervallo di riferimento e Burkholderia contaminans sopra l'intervallo di riferimento, che costituiscono scostamenti tassonomici da contestualizzare senza attribuire caratteri patogeni ai rispettivi generi. Il campione presenta anche un GMHI entro l'intervallo di riferimento e un rapporto Patobionti/Simbionti entro l'intervallo di riferimento. La discordanza con la diversità e con i rapporti compositivi suggerisce che lo squilibrio sia soprattutto legato alla distribuzione delle abbondanze, piuttosto che a un segnale uniformemente sfavorevole degli indicatori sintetici. Le abbondanze sono relative: la prevalenza di un taxon può comprimere proporzionalmente la rappresentazione degli altri, senza dimostrarne una riduzione assoluta.

Sul piano funzionale si osservano una quota di taxa associati a TMA sotto l'intervallo di riferimento e una quota di taxa associati a mucolisi sotto l'intervallo di riferimento. Questi rilievi riguardano la rappresentazione di gruppi associati a specifiche trasformazioni metaboliche e all'utilizzo delle mucine. Il quadro comprende anche una quota di taxa associati a butirrato entro l'intervallo di riferimento e una quota di taxa associati a LPS entro l'intervallo di riferimento. Tali elementi circoscrivono l'interpretazione degli assi metabolico e infiammatorio, evitando di ricondurli a una compromissione generalizzata dei gruppi funzionali. Nel dominio del triptofano si rilevano una quota di taxa associati a indolo entro l'intervallo di riferimento e una quota di taxa associati a IPA entro l'intervallo di riferimento. Il pannello di virulenza riporta nessuna rilevazione di geni del pannello di virulenza, nei limiti della sensibilità del metodo. Nel complesso, taxa associati e determinanti genetici descrivono presenza o potenziale biologico, non produzione, concentrazione di metaboliti, attività effettiva, permeabilità intestinale o funzioni neurologiche misurate. La mancata rilevazione nel pannello resta distinta dall'assenza dei determinanti e non consente di escludere portatori poco rappresentati; il profilo tassonomico e il pannello, da soli, non dimostrano un'infezione.

I rilievi da portare alla valutazione sono soprattutto la concentrazione della comunità sul taxon dominante con la ridotta diversità, i rapporti ecologici concordanti e gli scostamenti dei gruppi associati a TMA e mucolisi. Gli indicatori conservati ne delimitano la portata, senza annullare le differenze osservate. Per stabilirne la rilevanza individuale servono il motivo dell'esame, l'eventuale presenza e l'andamento di disturbi gastrointestinali, le caratteristiche dell'alvo, la storia clinica e gli esami già disponibili. Sono inoltre utili le informazioni sull'alimentazione abituale e sulle variazioni recenti, sull'impiego di farmaci, antibiotici o integratori e sulle condizioni di raccolta del campione. In assenza di anamnesi, il referto descrive quindi un assetto ecologico da contestualizzare, senza identificarne cause, conseguenze cliniche o indicazioni di intervento.

Commento generato con intelligenza artificiale (AI).

Diversità e funzioni

Diversità ed equilibrio

Indicatore	Il tuo valore	Rispetto alla popolazione di riferimento	
Diversità (indice di Shannon)	**1,64**	1,99 – 3,84	▼ Sotto l'intervallo

L'indice di Shannon riassume ricchezza e distribuzione relativa dei taxa. Confrontare con la coorte e il metodo indicati; un valore maggiore non equivale automaticamente a maggiore salute o resilienza.

Somiglianza alla popolazione di riferimento	**0,2384**	0,1288 – 0,3863	● Nell'intervallo

La similarità (1 meno la distanza Bray-Curtis media) descrive la vicinanza composizionale alla coorte di riferimento, su scala 0–1. Un valore maggiore indica maggiore somiglianza; non dimostra uno stato di salute migliore. Confrontare con l'intervallo riportato.

GMHI (Gut Microbiome Health Index)	**-0,15**	-2,72 – 1,14	● Nell'intervallo

Il GMHI sintetizza specie associate ai gruppi di riferimento. La soglia teorica 0 è distinta dall'intervallo P5–P95 riportato. Unità: i rapporti sono adimensionali; log10 indica la scala logaritmica. Gli indici tassonomici e funzionali (%) usano la normalizzazione gerarchica del metodo; le tabelle (%) il totale delle letture al rispettivo rango. I due valori non sono direttamente confrontabili. Gli indici funzionali non misurano metaboliti.

Enterotipo **Prevotella**

Funzioni potenziali, per tema

Acidi grassi a catena corta 5 su 5 nell'intervallo	● Tutti nell'intervallo	
Molecole neuroattive e derivati del triptofano 6 su 6 nell'intervallo	● Tutti nell'intervallo	
Barriera intestinale e composti da tenere d'occhio 5 su 7 nell'intervallo	Mucolisi TMA	▼ Sotto l'intervallo ▼ Sotto l'intervallo
Nutrienti e alimenti 3 su 3 nell'intervallo	● Tutti nell'intervallo	

Abbondanza dei batteri associati a ciascuna funzione: non misura produzione, concentrazione o attività dei metaboliti.

Gruppi batterici fuori intervallo

Tra rapporti e gruppi batterici analizzati, qui trovi solo quelli che nel tuo campione escono dall'intervallo della popolazione di riferimento.

Indicatore	Il tuo valore	Rispetto alla popolazione di riferimento
Negativicutes	**0,0149**	0,0182 – 4,69 — ▼ Sotto l'intervallo
Gram positivi / Gram negativi	**0,1055**	0,155 – 2,90 — ▼ Sotto l'intervallo
Bacillota / Bacteroidota	**0,1038**	0,1616 – 2,90 — ▼ Sotto l'intervallo
Prevotella / Bacteroides	**7,10**	0 – 0,426 — ▲ Sopra l'intervallo

I Negativicutes sono un gruppo di batteri Gram-negativi appartenenti al phylum Bacillota (ex Firmicutes), insoliti per la loro parete cellulare. Alcuni membri sono commensali intestinali, altri potenzialmente associati a disbiosi e infiammazione in condizioni patologiche.

Confronta le abbondanze di batteri Gram-positivi e Gram-negativi. Confrontare con il relativo intervallo di riferimento. Scala indicata accanto al valore; in log10, 0 equivale al rapporto 1:1.

Confronta le abbondanze dei due phyla indicati. Confrontare con il relativo intervallo di riferimento. Scala indicata accanto al valore; in log10, 0 equivale al rapporto 1:1.

Confronta le abbondanze dei due generi indicati. Confrontare con il relativo intervallo di riferimento. Scala indicata accanto al valore; in log10, 0 equivale al rapporto 1:1.

Composizione del microbiota

I grandi gruppi (phylum)



Phylum	Nel tuo campione	Riferimento	
Bacillota	**9,31%**	11,8–64,0%	▼ Sotto l'intervallo
Bacteroidota	**89,5%**	20,0–84,8%	▲ Sopra l'intervallo
Actinomycetota	**0,1581%**	0,0512–8,49%	● Nell'intervallo
Pseudomonadota	**0,0821%**	0,0551–9,77%	● Nell'intervallo
Verrucomicrobiota	**0,6581%**	0,0005–5,73%	● Nell'intervallo
Methanobacteriota	**0,0062%**	n.d.–n.d.%	○ Senza riferimento
Altri phyla	**0,2937%**	n.d.–n.d.%	○ Senza riferimento

Le 5 specie più abbondanti

Specie	Abbondanza	Riferimento	
Segatella copri	**72,3%**	0,0003–52,0%	▲ Sopra l'intervallo
Phocaeicola vulgatus	**2,98%**	0,0673–24,0%	● Nell'intervallo
Alistipes putredinis	**2,52%**	0,0009–6,28%	● Nell'intervallo
Bacteroides faecis	**1,96%**	0,002–2,64%	● Nell'intervallo
Bacteroides caccae	**1,65%**	0,0019–3,67%	● Nell'intervallo

Batteri di interesse

Batteri considerati benefici

27 rilevati su 44 ricercati

Phocaeicola vulgatus	2,98%	*Parabacteroides merdae*	0,9886%
Bacteroides vulgatus	2,98%	*Faecalibacterium prausnitzii*	0,8179%
Alistipes putredinis	2,52%	*Barnesiella intestinihominis*	0,7219%
Parabacteroides distasonis	0,9964%	*Bacteroides fragilis*	0,5782%

Sono mostrati i 8 più abbondanti su 27 rilevati. L'elenco completo è nel report Astra.

Batteri da tenere d'occhio

17 rilevati su 25 ricercati

Segatella copri	72,3%	*Collinsella aerofaciens*	0,0587%
Prevotella copri	72,3%	*Escherichia coli*	0,0483%
Bilophila wadsworthia	0,2028%	*Mediterraneibacter gnavus*	0,0438%
Flavonifractor plautii	0,1316%	*Ruminococcus gnavus*	0,0438%

Sono mostrati i 8 più abbondanti su 17 rilevati. L'elenco completo è nel report Astra.

Potenziali patogeni

8 rilevati su 66 ricercati

Mediterraneibacter gnavus	0,0438%	*Clostridium perfringens*	0,0048%
Ruminococcus gnavus	0,0438%	*Veillonella parvula*	0,0028%
Clostridioides difficile	0,0259%	*Parvimonas micra*	0,0024%
Clostridium difficile	0,0259%	*Campylobacter*	0,0005%

Rilevare il DNA di un microrganismo non equivale a un'infezione: il dato va valutato con un professionista insieme a sintomi e storia clinica.

Il test in breve

Il test non ha valore diagnostico. Rappresenta una fotografia del microbiota intestinale al momento del campionamento, ottenuta mediante sequenziamento metagenomico shotgun dell'intero DNA microbico estratto dal campione fecale. I risultati riguardano esclusivamente la composizione tassonomica e funzionale del microbiota e devono essere sempre interpretati nel contesto della storia clinica personale (età, dieta, stile di vita, farmaci, patologie pregresse o attuali) e discussi con un professionista qualificato (medico, biologo nutrizionista o altro specialista di riferimento). L'analisi confronta il microbiota del soggetto con un ampio database di adulti sani, per collocare i risultati individuali all'interno di un intervallo di riferimento. Tuttavia, le caratteristiche personali non entrano automaticamente nel calcolo e richiedono una valutazione clinica dedicata. Inoltre, è importante considerare alcuni limiti tecnici. La rilevazione delle specie si basa sull'abbondanza relativa all'interno di una stessa specie non è possibile distinguere in modo diretto ceppi patogeni da ceppi non patogeni. Il test non misura direttamente attività metaboliche, infiammazione, infezioni in atto o altre condizioni cliniche specifiche: fornisce un profilo indiretto del potenziale del microbiota.

Le specie presenti in quantità molto basse possono non essere rilevate o risultare sottostimate, a causa della soglia di sensibilità della tecnologia. Una quota elevata di DNA umano nel campione può ridurre la qualità e l'affidabilità dell'analisi Le indicazioni nutrizionali e integrative eventualmente proposte hanno valore orientativo e non sostituiscono una valutazione medica personalizzata.

Qualità del sequenziamento: **PASS**

neobioma astra

Vuoi vedere tutto? Il report Neobioma Astra aggiunge tutti gli indicatori uno per uno, la tavola completa delle specie, le associazioni con i probiotici, virus, funghi e archaea, la curva di rarefazione e il metodo in dettaglio.

E adesso?

Vuoi approfondire?

Puoi richiedere una lettura interpretativa personalizzata dei tuoi risultati.

Ripeti il test

Il microbiota cambia con alimentazione e stile di vita: ripetere il test tra circa 6 mesi permette di confrontare i risultati nel tempo. **dnaesalute.it/prodotto/test-microbioma-intestinale**

Contatti

DNA&Salute · dnaesalute.it

ID report: 666109 · Data: 06/11/2026 · Modello: neobioma_luna_wgs_v1 · Analisi: 3.2.3-historical.20260519-fix1940-afx20261005