neobioma omnia

Il tuo report Neobioma Omnia

Una luce nuova sul tuo intestino



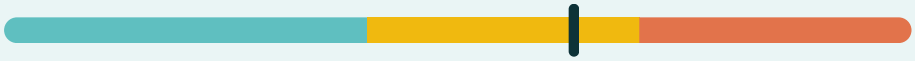
ID report	Analisi	Data
666109	WGS intestinale	06/11/2026

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.

Le aree del punteggio

Metabolismo	◆ Squilibrio leggero	Molecole neuroattive	● Equilibrio
Asse «infiammatorio» del metodo	◆ Squilibrio leggero	Equilibrio generale	◆ Squilibrio leggero
Diversità	◆ Squilibrio leggero	Struttura della comunità	● Equilibrio

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



5° percentile 95° percentile

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 ed equilibrio

Gli indici descrivono composizione e diversità del microbiota; i rapporti confrontano le abbondanze dei gruppi indicati.

Indicatore	Il tuo valore	Rispetto alla popolazione di riferimento

Diversità (indice di Shannon)

1,64



▼ 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



● 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



● 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.

Gram positivi / Gram negativi

0,1055



▼ Sotto l'intervallo

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.

Aerobi / anaerobi

0,0024



● Nell'intervallo

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

Bacillota / Bacteroidota

0,1038



▼ Sotto l'intervallo

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.

Patobionti / simbionti

0,0326



● Nell'intervallo

Confronta le abbondanze dei taxa classificati dal metodo come patobionti e simbionti. Confrontare con il relativo intervallo di riferimento. Scala indicata accanto al valore; in log10, 0 equivale al rapporto 1:1.

Prevotella / Bacteroides

7,10



▲ Sopra l'intervallo

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.

Enterotipo **Prevotella**

Gruppi batterici specifici

Indicatori mirati su gruppi di batteri di interesse. Descrivono abbondanze: non diagnosticano sovracrescita batterica né misurano la produzione di gas.

Indicatore	Il tuo valore	Rispetto alla popolazione di riferimento	
Pseudomonadota	**0,07**	0,0551 – 9,77	Nell'intervallo

Abbondanza dei taxa assegnati al phylum Pseudomonadota secondo il metodo. Il confronto con la coorte non misura infiammazione e non definisce, da solo, una condizione clinica.

Actinomycetota	**0,1351**	0,0512 – 8,49	Nell'intervallo

Abbondanza dei taxa assegnati al phylum Actinomycetota. I ruoli biologici dipendono dalle specie e dai ceppi; la loro abbondanza non misura attività metaboliche nel campione.

F. nucleatum / F. prausnitzii	**0**	0 – 0,0017	Nell'intervallo

Rapporto tra le abbondanze di Fusobacterium nucleatum e Faecalibacterium prausnitzii. Lo scostamento dal riferimento descrive la composizione; non stima il rischio individuale di malattia.

Taxa di tipo orale (indice SIB)	**0,1456**	0,0875 – 14,9	Nell'intervallo

Somma dei generi di tipo orale/orofaringeo rilevati nelle feci (Streptococcus, Veillonella, Rothia, Gemella, Actinomyces e altri). Non è un test per il SIBO: la sovracrescita batterica dell'intestino tenue si valuta con i breath test (glucosio o lattulosio, con misura di idrogeno e metano). Un valore elevato segnala soltanto un possibile transito di taxa orali.

Taxa associati al metano	**0,0026**	0 – 0,4369	Nell'intervallo

Indice di abbondanza dei taxa associati a metano, secondo le regole e la normalizzazione del metodo. Il confronto riguarda la composizione tassonomica; non misura attività o concentrazioni nel campione.

Akkermansia	**0,0001**	0 – 0,8959	Nell'intervallo

Abbondanza di Akkermansia muciniphila rispetto al riferimento del metodo. Il valore non quantifica degradazione del muco o integrità della barriera; le associazioni biologiche dipendono dal contesto e non definiscono una soglia clinica universale.

Negativicutes	**0,0149**	0,0182 – 4,69	▼ Sotto 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.

Funzioni potenziali del microbiota

Abbondanza dei batteri associati a ciascun metabolita o funzione. I valori non misurano produzione, concentrazione o attività dei metaboliti.

Acidi grassi a catena corta

Indicatore	Il tuo valore	Rispetto alla popolazione di riferimento	
Acetato	4,80	2,77 – 18,6	Nell'intervallo
Propionato	3,25	2,00 – 16,7	Nell'intervallo
Butirrato	1,88	1,57 – 13,1	Nell'intervallo
Lattato	0,7151	0,1113 – 3,88	Nell'intervallo
Succinato	6,20	2,59 – 23,4	Nell'intervallo

Molecole neuroattive e derivati del triptofano

Indicatore	Il tuo valore	Rispetto alla popolazione di riferimento	
GABA	5,07	3,07 – 23,2	Nell'intervallo
Serotonina	2,18	1,44 – 13,0	Nell'intervallo
Triptammina	0,7787	0,2936 – 5,12	Nell'intervallo
Indolo	1,98	0,9784 – 12,8	Nell'intervallo
IAA	2,66	1,51 – 14,1	Nell'intervallo
IPA	0,0218	0,0062 – 0,2958	Nell'intervallo

Funzioni potenziali: barriera e nutrienti

Barriera intestinale e composti da tenere d'occhio

Indicatore	Il tuo valore	Rispetto alla popolazione di riferimento	
LPS	0,0823	0,0123 – 1,54	Nell'intervallo
Istamina	0,1192	0,0537 – 2,28	Nell'intervallo
Mucolisi	6,41	7,00 – 24,9	Sotto l'intervallo
Proteolisi	1,82	0,9682 – 6,73	Nell'intervallo
Idrogeno solforato	1,08	0,1732 – 3,77	Nell'intervallo
TMA	0,1653	0,1938 – 2,44	Sotto l'intervallo
Beta-glucuronidasi	0,5563	0,1069 – 2,98	Nell'intervallo

Nutrienti e alimenti

Indicatore	Il tuo valore	Rispetto alla popolazione di riferimento	
Metabolismo dei polifenoli	2,72	1,65 – 13,6	Nell'intervallo
Vitamine B	3,32	2,45 – 14,2	Nell'intervallo
Metabolismo del glutine	1,97	1,07 – 12,5	Nell'intervallo

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 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
Simiaoa sunii	**1,42%**	0,0019–8,11%	● Nell'intervallo
Bacteroides uniformis	**1,38%**	0,0243–20,6%	● Nell'intervallo
Parabacteroides distasonis	**1,00%**	0,031–4,57%	● Nell'intervallo
Parabacteroides merdae	**0,99%**	0,0011–3,54%	● Nell'intervallo
Faecalibacterium prausnitzii	**0,82%**	0,0161–11,5%	● Nell'intervallo
Altri Taxa	**13,0%**	n.d.–n.d.%	○ Senza riferimento

Batteri di interesse

Batteri considerati benefici

27 rilevati su 44 ricercati

Phocaeicola vulgatus	2,98%
Bacteroides vulgatus	2,98%
Alistipes putredinis	2,52%
Parabacteroides distasonis	0,9964%
Parabacteroides merdae	0,9886%
Faecalibacterium prausnitzii	0,8179%
Barnesiella intestinihominis	0,7219%
Bacteroides fragilis	0,5782%
Agathobacter rectalis	0,5547%
Eubacterium rectale	0,5547%
Odoribacter splanchnicus	0,4049%
Faecalibacterium duncaniae	0,2574%
Roseburia intestinalis	0,2056%
Bacteroides thetaiotaomicron	0,1434%
Coprococcus comes	0,1363%
Bifidobacterium adolescentis	0,0597%
Roseburia hominis	0,0513%
Streptococcus thermophilus	0,0505%
Blautia obeum	0,0224%
Anaerobutyricum hallii	0,0093%
Bifidobacterium longum	0,0072%
Anaerostipes hadrus	0,0066%
Bifidobacterium bifidum	0,0066%
Coprococcus eutactus	0,0018%
Lactococcus lactis	0,0013%
Akkermansia muciniphila	0,0009%
Bifidobacterium pseudocatenulatum	0,0007%

Non rilevati: *Bacillus coagulans, Bifidobacterium animalis, Bifidobacterium catenulatum, Clostridium butyricum, Collinsella stercoris, Heyndrickxia coagulans, Lacticaseibacillus rhamnosus, Lactobacillus acidophilus, Lactobacillus delbrueckii, Lactobacillus johnsonii, Lactobacillus murinus, Lactobacillus reuteri, Lactobacillus rhamnosus, Ligilactobacillus murinus, Limosilactobacillus reuteri, Phascolarctobacterium faecium, Propionibacterium freudenreichii.*

Batteri da tenere d'occhio

17 rilevati su 25 ricercati

Segatella copri	72,3%
Prevotella copri	72,3%
Bilophila wadsworthia	0,2028%
Flavonifractor plautii	0,1316%
Collinsella aerofaciens	0,0587%
Escherichia coli	0,0483%
Mediterraneibacter gnavus	0,0438%
Ruminococcus gnavus	0,0438%
Enterocloster bolteae	0,0204%
Clostridium bolteae	0,0204%
Enterococcus faecium	0,0099%
Hungatella hathewayi	0,0059%
Clostridium hathewayi	0,0059%
Desulfovibrio	0,0033%
Thomasclavelia ramosa	0,0008%
Clostridium ramosum	0,0008%
Gemella morbillorum	0,0005%

Non rilevati: *Clostridium sporogenes, Eggerthella lenta, Enterococcus faecalis, Fusobacterium nucleatum, Porphyromonas asaccharolytica, Solobacterium moorei, Streptococcus anginosus, Streptococcus gallolyticus.*

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%

Non rilevati: *Adenovirus, Aeromonas, Astrovirus, Borrelia burgdorferi, Borreliella burgdorferi, Campylobacter coli, Campylobacter concisus, Campylobacter jejuni, Campylobacter rectus, Candida albicans, Candida tropicalis, Chlamydia pneumoniae, Chlamydia trachomatis, Citrobacter rodentium, Cloacibacillus porcorum, Cryptosporidium, Cryptosporidium hominis, Cryptosporidium parvum, Cyclospora cayetanensis, Desulfovibrio alaskensis, Encephalitozoon intestinalis, Entamoeba dispar, Entamoeba histolytica, Enterobacter, Enterocytozoon bieneusi, Fusobacterium nucleatum, Gardnerella vaginalis, Giardia intestinalis, Helicobacter bilis, Helicobacter bizzozeronii, Helicobacter cinaedi, Helicobacter hepaticus, Helicobacter pylori, Klebsiella oxytoca, Klebsiella pneumoniae, Malacoplasma penetrans, Mamastrovirus, Mastadenovirus, Mycoplasma fermentans, Mycoplasma penetrans, Mycoplasmopsis fermentans, Norovirus, Norovirus GI, Norovirus GII, Oleidesulfovibrio alaskensis, Peptostreptococcus anaerobius, Plesiomonas shigelloides, Porphyromonas gingivalis, Proteus mirabilis, Rotavirus, Salmonella, Sapovirus, Shigella, Slackia exigua, Streptococcus gallolyticus, Streptococcus infantarius, Vibrio, Yersinia enterocolitica.*

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

Altri microrganismi e geni di virulenza

Geni di virulenza

Nessun gene di virulenza del pannello rilevato. Alla profondità di questo campione (2.579.484 read non umane) un gene è rilevabile solo se l'organismo portatore supera in media il 0,61% del microbiota: l'esito non esclude la presenza di ceppi tossigeni a bassa abbondanza.

Archaea

Specie	Abbondanza	Riferimento
Methanobrevibacter smithii	0,006%	0–0,5082%

Virus, funghi e altri non batterici

Specie	Tipo	Abbondanza
Blohavirus faecalis	Virus	0,0192%
Canhaevirus hiberniae	Virus	0,0137%
Birpovirus hiberniae	Virus	0,0135%
Blohavirus americanus	Virus	0,0092%
Taranisvirus taranis	Virus	0,0074%
Brigitvirus brigit	Virus	0,0046%
Kingevirus communis	Virus	0,0032%
Moineauvirus CHPC1041	Virus	0,0032%
Birpovirus hominis	Virus	0,0021%
Lughvirus lugh	Virus	0,002%
Culoivirus intestinalis	Virus	0,0014%
Canhaevirus faecalis	Virus	0,0013%
Saccharomyces cerevisiae	Fungo	0,0011%

Associazioni con i probiotici

Per alcune specie del tuo campione, la tabella riporta i probiotici a cui risultano statisticamente associate nella popolazione di riferimento. r negativo: quando uno è più abbondante l'altro tende a esserlo meno; r positivo: tendono a crescere insieme. Sono co-occorrenze osservate, non effetti dimostrati dell'assunzione né un consiglio di integrazione.

Bifidobacterium bifidum

Specie del tuo campione	Abbondanza	Associazione (r)
Streptococcus parapneumoniae	0,0009% rif. 0–0,0003	**+0,1769**

Bifidobacterium breve

Specie del tuo campione	Abbondanza	Associazione (r)
Segatella copri	72,3% rif. 0,0003–52,0	**-0,2144**
Prevotella jejuni	0,0143% rif. 0–0,0091	**-0,1856**
Streptococcus sp. K0074	0,0008% rif. 0–0,0005	**+0,1747**
Streptococcus gwangjuensis	0,0009% rif. 0–0,0004	**+0,1748**
Streptococcus parapneumoniae	0,0009% rif. 0–0,0003	**+0,2117**

Bifidobacterium longum

Specie del tuo campione	Abbondanza	Associazione (r)
Prevotella jejuni	0,0143% rif. 0–0,0091	**-0,2487**
Segatella copri	72,3% rif. 0,0003–52,0	**-0,1755**
Prevotella fusca	0,0051% rif. 0–0,0007	**-0,155**
Streptococcus parapneumoniae	0,0009% rif. 0–0,0003	**+0,2172**

Enterococcus faecium

Specie del tuo campione	Abbondanza	Associazione (r)
Prevotella fusca	0,0051% rif. 0–0,0007	**-0,2363**
Streptococcus sp. SN-1	0,0026% rif. 0–0,0006	**-0,2328**
Streptococcus sp. K0074	0,0008% rif. 0–0,0005	**-0,2267**
Streptococcus gwangjuensis	0,0009% rif. 0–0,0004	**-0,2092**
Streptococcus parapneumoniae	0,0009% rif. 0–0,0003	**-0,1763**

Escherichia coli

Specie del tuo campione	Abbondanza	Associazione (r)
Streptococcus parapneumoniae	0,0009% rif. 0–0,0003	**+0,1729**

Lacticaseibacillus rhamnosus

Specie del tuo campione	Abbondanza	Associazione (r)
Parabacteroides chongii	0,0975% rif. 0–0,0184	**-0,1673**
Streptococcus parapneumoniae	0,0009% rif. 0–0,0003	**+0,1605**
Streptococcus gwangjuensis	0,0009% rif. 0–0,0004	**+0,1754**

Lactobacillus acidophilus

Specie del tuo campione	Abbondanza	Associazione (r)
Parabacteroides chongii	0,0975% rif. 0–0,0184	**-0,1777**

Lactobacillus helveticus

Specie del tuo campione	Abbondanza	Associazione (r)
Streptococcus sp. K0074	0,0008% rif. 0–0,0005	**+0,1555**
Streptococcus parapneumoniae	0,0009% rif. 0–0,0003	**+0,1869**
Streptococcus gwangjuensis	0,0009% rif. 0–0,0004	**+0,2078**

Commento alle associazioni

Nel campione si rileva Segatella copri al 72,2929% sopra l'intervallo di riferimento (riferimento 0,0003–51,9609%). Per questa specie, la mappa riporta un'associazione inversa tra Bifidobacterium breve e Segatella copri. Le abbondanze indicano la quota relativa dei microrganismi nel campione; il confronto usa i riferimenti del metodo. Questo rilievo offre un punto di partenza concreto per leggere la mappa insieme alle informazioni sulla propria salute e sulle proprie abitudini.

Il legame inverso significa che, nella popolazione di riferimento, una maggiore presenza di Segatella copri tende ad accompagnarsi a una minore presenza di Bifidobacterium breve, e viceversa. Si tratta di come i microrganismi risultano distribuiti nella popolazione studiata. La mappa descrive associazioni osservate, mentre la scelta di un eventuale prodotto dipende dall'obiettivo clinico e dalle evidenze sul ceppo specifico.

Usa la mappa come scheda di confronto, collegando il rilievo su Segatella copri all'alimentazione, agli eventuali disturbi e ai probiotici già utilizzati. Se è presente un disturbo, annotane frequenza e andamento e riporta i prodotti già provati, insieme alla loro tollerabilità. Queste informazioni aiutano a definire con il professionista l'obiettivo concreto da valutare. Se viene considerato un prodotto, verificane il ceppo specifico e gli studi pertinenti per quell'obiettivo. Se concordate un percorso, confronta poi l'andamento dello stesso disturbo e la tollerabilità, usando le annotazioni come riferimento.

Commento generato con intelligenza artificiale (AI).

Curva di rarefazione

La curva di rarefazione è un grafico che aiuta a capire quanta varietà di batteri è stata osservata nel campione. Mostra come aumenta il numero di specie trovate man mano che cresce la quantità di DNA analizzato. Quando la curva tende a “piattarsi”, significa che analizzare altro DNA aggiungerebbe poche nuove specie: in questo caso la quantità di sequenziamento è considerata sufficiente e la fotografia del microbiota è affidabile. Se invece la curva sale ancora molto, potrebbe essere necessario più sequenziamento per descrivere in modo completo la comunità microbica.

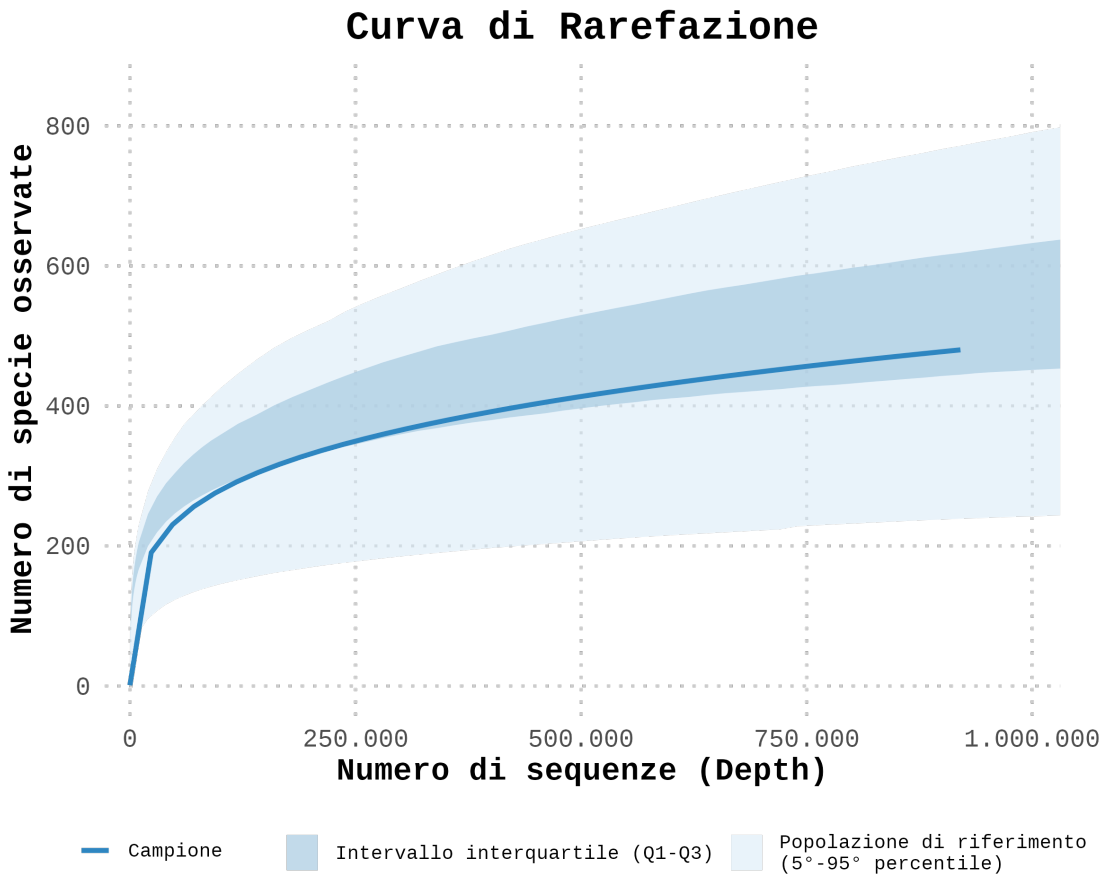


Tavola tassonomica completa

Tutte le specie batteriche rilevate, con abbondanza relativa e intervallo di riferimento. Il punto a destra indica se il valore è sotto, dentro o sopra l'intervallo.

Phylum	Genere	Specie	%	Riferimento %	
Bacteroidota	*Segatella*	*Segatella copri*	72,3	0,0003–52,0	●
Bacteroidota	*Phocaeicola*	*Phocaeicola vulgatus*	2,98	0,0673–24,0	●
Bacteroidota	*Alistipes*	*Alistipes putredinis*	2,52	0,0009–6,28	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides faecis*	1,96	0,002–2,64	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides caccae*	1,65	0,0019–3,67	●
Bacillota	*Simiaoa*	*Simiaoa sunii*	1,42	0,0019–8,11	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides uniformis*	1,38	0,0243–20,6	●
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides distasonis*	0,9964	0,031–4,57	●
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides merdae*	0,9886	0,0011–3,54	●
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium prausnitzii*	0,8179	0,0161–11,5	●
Bacteroidota	*Barnesiella*	*Barnesiella intestinihominis*	0,7219	0,0001–3,09	●
Bacillota	*Ruminococcus*	*Ruminococcus sp. FMBCY1*	0,689	0–1,64	●
Verrucomicrobiota	*Akkermansia*	*Akkermansia sp. JRP_AM1*	0,6123	n.d.–n.d.	○
Bacillota	*Ruminococcus*	*Ruminococcus sp. FMB-CY1*	0,609	0–0,8989	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides fragilis*	0,5782	0,0135–6,13	●
Bacillota	*Ruminococcus*	*Ruminococcus bicirculans (ex Wegman et al. 2014)*	0,5548	0,0004–3,94	●
Bacillota	*Agathobacter*	*Agathobacter rectalis*	0,5547	0,0081–13,0	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides xylanisolvens*	0,4385	0,0219–3,37	●
Bacteroidota	*Odoribacter*	*Odoribacter splanchnicus*	0,4049	0,0006–1,44	●
Bacillota	*Oscillibacter*	*Oscillibacter sp. PEA192*	0,3642	0,0011–0,9318	●
Bacteroidota	*Paraprevotella*	*Paraprevotella clara*	0,3055	0–1,97	●
Bacillota	*Dysosmobacter*	*Dysosmobacter welbionis*	0,3024	0,0021–1,31	●
Bacillota	*Ruminococcus*	*Ruminococcus callidus*	0,2932	0,0001–0,7096	●
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium duncaniae*	0,2574	0,0015–1,28	●
Bacteroidota	*Phocaeicola*	*Phocaeicola coprophilus*	0,254	0–0,6691	●
Bacteroidota	*Alistipes*	*Alistipes communis*	0,241	0,0002–2,13	●
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium taiwanense*	0,2149	0,0006–2,02	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides cellulosilyticus*	0,2098	0,0006–9,13	●
Bacillota	*Roseburia*	*Roseburia intestinalis*	0,2056	0,0033–4,89	●
Thermodesulfobacteriota	*Bilophila*	*Bilophila wadsworthia*	0,2028	0–0,7976	●
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. IP-1-18*	0,1981	0,0003–1,01	●
Bacillota	*Roseburia*	*Roseburia faecis*	0,1921	0,005–5,97	●
Bacteroidota	*Alistipes*	*Alistipes onderdonkii*	0,1631	0,0006–6,07	●
Bacteroidota	*Segatella*	*Segatella hominis*	0,1578	0–0,8065	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides thetaiotaomicron*	0,1434	0,0308–4,24	●
Bacillota	*Dorea*	*Dorea longicatena*	0,1418	0,0058–2,31	●
Bacillota	*Coprococcus*	*Coprococcus comes*	0,1363	0,0011–1,73	●
Bacillota	*Vescimonas*	*Vescimonas coprocola*	0,1334	0,0003–1,58	●

Phylum	Genere	Specie	%	Riferimento %	
Bacillota	*Flavonifractor*	*Flavonifractor plautii*	0,1316	0,0116–0,6481	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. i25-0019-C1*	0,1081	0,0004–0,6977	
Bacteroidota	*Phocaeicola*	*Phocaeicola dorei*	0,1075	0,0121–15,3	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium hominis (ex Afrizal et al. 2022)*	0,1029	0,0002–0,4213	
Bacteroidota	*Alistipes*	*Alistipes shahii*	0,1008	0,0004–3,72	
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides chongii*	0,0975	0–0,0184	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. i21-0019-B1*	0,0975	0,0008–1,06	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. I2-3-92*	0,0937	0,0008–0,4793	
Bacillota	*Pusillibacter*	*Pusillibacter faecalis*	0,0887	0,0001–0,3131	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides sp. DH3716P*	0,0869	0,0006–0,7304	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. IP-3-29*	0,0827	0,0004–0,6678	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides ovatus*	0,0789	0,0146–4,40	
Bacillota	*Vescimonas*	*Vescimonas fastidiosa*	0,0752	0,0002–0,8477	
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus salivarius*	0,0752	0,0007–0,3934	
Bacteroidota	*Butyricimonas*	*Butyricimonas paravirosa*	0,0672	0–0,365	
Bacillota	*Intestinimonas*	*Intestinimonas butyriciproducens*	0,0653	0,0003–0,3596	
Bacteroidota	*Phocaeicola*	*Phocaeicola salanitronis*	0,0625	0,0002–0,1434	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides hominis*	0,0607	0,0058–0,597	
Actinomycetota	*Bifidobacterium*	*Bifidobacterium adolescentis*	0,0597	0,0004–4,14	
Bacillota	*Blautia*	*Blautia wexlerae*	0,0587	0,0174–7,83	
Actinomycetota	*Collinsella*	*Collinsella aerofaciens*	0,0587	0,0005–2,39	
Bacillota	*Mediterraneibacter*	*[Ruminococcus] torques*	0,0575	0,0067–2,34	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. 7*	0,0574	0,0003–0,3431	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides sp. HF-162*	0,0538	0,0003–0,5942	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. I4-3-84*	0,053	0,0004–0,8609	
Bacillota	*Roseburia*	*Roseburia hominis*	0,0513	0,0034–2,12	
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus thermophilus*	0,0505	0,0002–0,38	
Bacillota	*Lawsonibacter*	*Lawsonibacter asaccharolyticus*	0,0498	0,0006–0,7271	
Pseudomonadota	*Escherichia*	*Escherichia coli*	0,0483	0,0022–8,11	
Bacillota	*Enterocloster*	*Enterocloster asparagiformis*	0,0476	0,0001–0,1016	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. I3-3-89*	0,0471	0,0004–1,73	
Bacillota	*Agathobaculum*	*Agathobaculum massiliense*	0,0464	0–0,0545	
Bacillota	*Lachnospira*	*Lachnospira eligens*	0,0442	0,0008–3,54	
Bacillota	*Mediterraneibacter*	*Mediterraneibacter gnavus*	0,0438	0,0367–0,8657	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium wellingii*	0,0428	0,0004–0,2998	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides sp. A1C1*	0,0375	0,0011–0,4667	
Bacillota	*Faecalibacillus*	*Faecalibacillus intestinalis*	0,0371	0,0002–0,7853	
Bacteroidota	*Alistipes*	*Alistipes indistinctus*	0,0332	0–0,3627	
Verrucomicrobiota	*Akkermansia*	*Akkermansia massiliensis*	0,0328	0–0,1094	
Bacillota	*Holdemania*	*Holdemania massiliensis*	0,031	0,0001–0,0728	
Bacillota	*Blautia*	*Blautia hydrogenotrophica*	0,0309	0–0,0989	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides humanifaecis*	0,03	0,0001–0,5018	
Bacteroidota	*Paraprevotella*	*Paraprevotella xylaniphila*	0,0265	0–0,3866	

Phylum	Genere	Specie	%	Riferimento %	
Bacillota	*Clostridioides*	*Clostridioides difficile*	0,0259	0,0027–0,4131	
Bacteroidota	*Alistipes*	*Alistipes senegalensis*	0,0255	0–0,4858	
Bacillota	*Blautia*	*Blautia luti*	0,0252	0,0004–0,3663	
Bacteroidota	*Alistipes*	*Alistipes finegoldii*	0,0239	0,0003–3,17	
Bacteroidota	*Butyricimonas*	*Butyricimonas virosa*	0,0234	0–0,5664	
Bacillota	*Oscillibacter*	*Oscillibacter hominis*	0,0233	0,0003–0,1665	
Bacillota	*Blautia*	*Blautia obeum*	0,0224	0,0051–1,83	
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus parasanguinis*	0,0222	0,0001–0,0714	
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides absconsus*	0,0216	0–0,3043	
Bacillota	*Dorea*	*Dorea formicigenerans*	0,0215	0,0027–0,6808	
Bacillota	*Enterocloster*	*Enterocloster bolteae*	0,0204	0,0013–0,2471	
Uroviricota	*Blohavirus*	*Blohavirus faecalis*	0,0192	0–0,0225	
Bacillota	*Anaerotruncus*	*Anaerotruncus colihominis*	0,019	0,0005–0,1877	
Bacillota	*Ruthenibacterium*	*Ruthenibacterium lactatiformans*	0,0176	0,0009–0,9597	
Bacteroidota	*Butyricimonas*	*Butyricimonas faecalis*	0,0167	0–0,4594	
Pseudomonadota	*Burkholderia*	*Burkholderia contaminans*	0,0148	0–0	
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides sp. CT06*	0,0145	0–0,6198	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. I4-1-79*	0,0145	0,0001–0,9171	
Bacteroidota	*Prevotella*	*Prevotella jejuni*	0,0143	0–0,0091	
Bacteroidota	*Barnesiella*	*Barnesiella sp. An22*	0,0142	0–0,1121	
Uroviricota	*Canhaevirus*	*Canhaevirus hiberniae*	0,0137	0–0,006	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides difficilis*	0,0136	0–0,0837	
Uroviricota	*Birpovirus*	*Birpovirus hiberniae*	0,0135	0–0,0085	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides stercoris*	0,0133	0,0013–5,86	
Bacillota	*Coprococcus*	*Coprococcus catus*	0,013	0,0003–0,5643	
Verrucomicrobiota	*Akkermansia*	*Akkermansia sp. BCRC 18949*	0,0123	0–0,003	
Bacteroidota	*Butyricimonas*	*Butyricimonas faecihominis*	0,0116	0–0,4255	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides salyersiae*	0,0102	0,0007–1,03	
Actinomycetota	*Schaalia*	*Schaalia odontolytica*	0,0101	0–0,0268	
Bacillota	*Enterococcus*	*Enterococcus faecium*	0,0099	0,0013–0,2516	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides caecimuris*	0,0098	0,0001–0,042	
Bacillota	*Owariibacterium*	*Owariibacterium komagatae*	0,0097	0,0007–0,1531	
Pseudomonadota	*Turicimonas*	*Turicimonas muris*	0,0095	0–0,0171	
Bacillota	*Clostridium*	*Clostridium sp. M62/1*	0,0095	0,0002–0,4234	
Bacillota	*Pseudoflavonifractor*	*Pseudoflavonifractor gallinarum*	0,0093	0,0001–0,0564	
Bacillota	*Clostridium*	*[Clostridium] innocuum*	0,0093	0,0062–0,1903	
Bacillota	*Anaerobutyricum*	*Anaerobutyricum hallii*	0,0093	0,0025–2,37	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides faecium*	0,0092	0–0,0238	
Uroviricota	*Blohavirus*	*Blohavirus americanus*	0,0092	0–0,0122	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides sp. CACC 737*	0,0087	0,0002–0,3203	
Bacillota	*Faecalibacterium*	*Faecalibacterium sp. I3-3-33*	0,0082	0,0001–0,1569	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides nordii*	0,0078	0–0,2379	
Bacillota	*Amedibacillus*	*[Eubacterium] hominis*	0,0078	0,0001–0,0594	

Phylum	Genere	Specie	%	Riferimento %	
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides zhangwenhongii*	0,0075	0,0004–0,189	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus mitis*	0,0075	0–0,0076	●
Bacillota	*Ruminococcus*	*Ruminococcus sp. SR1/5*	0,0074	0,0015–1,33	●
Uroviricota	*Taranisvirus*	*Taranisvirus taranis*	0,0074	0–0,0907	●
Bacillota	*Hungatella*	*Hungatella sp. SB206*	0,0072	0,0006–0,0857	●
Actinomycetota	*Bifidobacterium*	*Bifidobacterium longum*	0,0072	0,0046–3,25	●
Bacillota	*Subdoligranulum*	*Subdoligranulum variabile*	0,0067	0,0003–0,1721	●
Bacillota	*Anaerostipes*	*Anaerostipes hadrus*	0,0066	0,0032–2,64	●
Actinomycetota	*Bifidobacterium*	*Bifidobacterium bifidum*	0,0066	0–0,5551	●
Bacteroidota	*Barnesiella*	*Barnesiella viscericola*	0,0065	0–0,0359	●
Bacillota	*Dialister*	*Dialister succinatiphilus*	0,0064	0–0,4608	●
Bacillota	*Subdoligranulum*	*uncultured Subdoligranulum sp.*	0,0063	0–0,1244	●
Methanobacteriota	*Methanobrevibacter*	*Methanobrevibacter smithii*	0,006	0–0,5082	●
Bacillota	*Hungatella*	*Hungatella hathewayi*	0,0059	0,0002–0,1014	●
Bacillota	*Mediterraneibacter*	*[Ruminococcus] lactaris*	0,0057	0,0009–0,9093	●
Actinomycetota	*Collinsella*	*Collinsella sp. i05-0019-G5*	0,0057	0–0,2754	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. FSL K6-1323*	0,0055	0–0,0307	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. FDAARGOS_192*	0,0054	n.d.–n.d.	○
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides finegoldii*	0,0053	0,0001–0,0736	●
Bacteroidota	*Alistipes*	*uncultured Alistipes sp.*	0,0052	0–0,2151	●
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides faecis*	0,0052	0–0,0106	●
Bacteroidota	*Prevotella*	*Prevotella fusca*	0,0051	0–0,0007	●
Bacillota	*Romboutsia*	*Romboutsia ilealis*	0,005	0–0,0982	●
Bacillota	*Clostridium*	*Clostridium perfringens*	0,0048	0,0004–0,0288	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus gordonii*	0,0047	0–0,0111	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus dentalis*	0,0046	0–0,0053	●
Uroviricota	*Brigitvirus*	*Brigitvirus brigit*	0,0046	0–0,0546	●
Bacillota	*Catenibacterium*	*Catenibacterium sp. co_0103*	0,0045	n.d.–n.d.	○
Bacteroidota	*Prevotella*	*Prevotella dentalis*	0,0041	0–0,005	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides sp. CG01*	0,0041	0–0,0185	●
Bacillota	*Lachnoclostridium*	*[Clostridium] scindens*	0,0041	0,0008–0,0835	●
Bacillota	*Eubacterium*	*Eubacterium ramulus*	0,004	0,0002–0,4231	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. FSL W7-1342*	0,0039	0–0,0138	●
Bacteroidota	*Alistipes*	*Alistipes megaguti*	0,0038	0–0,0948	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sanguinis*	0,0036	0–0,0111	●
Bacillota	*Dialister*	*Dialister sp.*	0,0036	0–0,0214	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides eggerthii*	0,0035	0,0003–6,22	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus suis*	0,0035	0–0,0346	●
Bacillota	*Enterocloster*	*Enterocloster lavalensis*	0,0033	0,0001–0,061	●
Bacillota	*Eshraghiella*	*Eshraghiella crossota*	0,0033	0,0005–7,09	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus oralis*	0,0033	0–0,008	●
Uroviricota	*Kingevirus*	*Kingevirus communis*	0,0032	0–0,2455	●
Uroviricota	*Moineauvirus*	*Moineauvirus CHPC1041*	0,0032	0–0	●

Phylum	Genere	Specie	%	Riferimento %	
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides goldsteinii*	0,003	0,0001–0,5673	●
Bacillota	*Roseburia*	*Roseburia rectibacter*	0,003	0,0001–0,1041	●
Bacillota	*Flintibacter*	*Flintibacter sp. KGMB00164*	0,0029	0–0,0691	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus lingualis*	0,0029	0–0,0082	●
Bacillota	*Veillonella*	*Veillonella parvula*	0,0028	0,0001–0,0864	●
Bacillota	*Blautia*	*Blautia hansenii*	0,0027	0,0002–0,029	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. FSL R7-0248*	0,0027	0–0,0123	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides maternus*	0,0026	0–0,1314	●
Pseudomonadota	*Paracoccus*	*Paracoccus denitrificans*	0,0026	0–0	●
Bacillota	*Ruminococcus*	*Ruminococcus champanellensis*	0,0026	0–0,0894	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. SN-1*	0,0026	0–0,0006	●
Bacillota	*Blautia*	*Blautia sp. SC05B48*	0,0025	0,0003–0,3001	●
Bacillota	*Parvimonas*	*Parvimonas micra*	0,0024	0–0,0057	●
Bacillota	*Enterocloster*	*Enterocloster clostridioformis*	0,0023	0,0014–0,0982	●
Bacillota	*Lachnoclostridium*	*[Clostridium] hylemonae*	0,0023	0–0,0269	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus vestibularis*	0,0023	0–0,0107	●
Bacillota	*Abiotrophia*	*Abiotrophia defectiva*	0,0023	0–0,0008	●
Bacillota	*Clostridium*	*Clostridium sp. SY8519*	0,0022	0–0,0326	●
Bacillota	*Eubacterium*	*Eubacterium ventriosum*	0,0022	0,0002–0,6237	●
Bacillota	*Turicibacter*	*Turicibacter bilis*	0,0022	0–0,0405	●
Bacillota	*Veillonella*	*Veillonella nakazawae*	0,0022	0–0,0515	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides sp. KFT8*	0,0021	0,0001–0,1276	●
Bacillota	*Sellimonas*	*Sellimonas catena*	0,0021	0,0003–0,0908	●
Bacillota	*Eisenbergiella*	*Eisenbergiella porci*	0,0021	0,0001–0,1279	●
Uroviricota	*Birpovirus*	*Birpovirus hominis*	0,0021	0–0,0079	●
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides johnsonii*	0,002	0,0001–0,4116	●
Uroviricota	*Lughvirus*	*Lughvirus lugh*	0,002	0–0,005	●
Bacillota	*Solibaculum*	*Solibaculum mannosilyticum*	0,0018	0–0,0356	●
Bacillota	*Coprococcus*	*Coprococcus eutactus*	0,0018	0,0004–1,05	●
Bacillota	*Thomasclavelia*	*Thomasclavelia spiroformis*	0,0018	0–0,0308	●
Bacillota	*Eubacterium*	*Eubacterium callanderi*	0,0017	0,0003–0,0328	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. CP1998*	0,0017	0–0,0058	●
Bacillota	*Granulicatella*	*Granulicatella adiacens*	0,0017	0–0,0033	●
Bacteroidota	*Prevotella*	*Prevotella intermedia*	0,0016	0–0,0201	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides intestinalis*	0,0016	0–1,44	●
Thermodesulfobacteriota	*Desulfovibrio*	*uncultured Desulfovibrio sp.*	0,0016	0–0	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. LPB0220*	0,0016	0–0,0084	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. DTU_2020_1000888_1_SI_GRL_NUU_041A*	0,0016	n.d.–n.d.	○
Actinomycetota	*Schaalia*	*Schaalia sp. HMT-172*	0,0016	0–0,0156	●
Bacillota	*Wujia*	*Wujia chipingensis*	0,0015	0,0003–4,02	●
Thermodesulfobacteriota	*Desulfovibrio*	*Desulfovibrio piger*	0,0014	0–0,7514	●
Pseudomonadota	*Haemophilus*	*Haemophilus parainfluenzae*	0,0014	0,0001–0,3156	●
Bacillota	*Roseburia*	*Roseburia sp. 831b*	0,0014	0–0,0184	●

Phylum	Genere	Specie	%	Riferimento %	
Bacillota	*Veillonella*	*Veillonella dispar*	0,0014	0–0,0129	●
Uroviricota	*Culoivirus*	*Culoivirus intestinalis*	0,0014	0–0,002	●
Bacillota	*Ruminococcus*	*Ruminococcus albus*	0,0013	0–0,0057	●
Bacillota	*Agathobaculum*	*Agathobaculum sp. NTUH-O15-33*	0,0013	0–0,0132	●
Bacillota	*Christensenella*	*Christensenella sp. MSJ-20*	0,0013	0–0,0315	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. KHUD_015*	0,0013	n.d.–n.d.	○
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. KHUD_011*	0,0013	n.d.–n.d.	○
Bacillota	*Lactococcus*	*Lactococcus lactis*	0,0013	0–0,0439	●
Bacillota	*Massilimicrobiota*	*Massilimicrobiota timonensis*	0,0013	0–0,0233	●
Bacillota	*Veillonella*	*Veillonella atypica*	0,0013	0–0,0235	●
Uroviricota	*Canhaevirus*	*Canhaevirus faecalis*	0,0013	0–0,0028	●
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides zoogleoformans*	0,0012	0–0,0029	●
Pseudomonadota	*Azonexus*	*Azonexus hydrophilus*	0,0012	0–0	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. oral taxon 061*	0,0012	0–0,0024	●
Bacillota	*Blautia*	*Blautia producta*	0,0011	0,0004–0,0298	●
Bacillota	*Blautia*	*Blautia argi*	0,0011	0,0001–0,0041	●
Bacillota	*Otoolea*	*[Clostridium] symbiosum*	0,0011	0,0001–0,0467	●
Bacillota	*Christensenella*	*Christensenella minuta*	0,0011	0–0,0228	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. KHUD_016*	0,0011	n.d.–n.d.	○
Bacillota	*Veillonella*	*Veillonella rogosae*	0,0011	0–0,0614	●
Ascomycota	*Saccharomyces*	*Saccharomyces cerevisiae*	0,0011	0–0,036	●
Bacteroidota	*Muribaculum*	*Muribaculum gordoncarteri*	0,001	0–0,0396	●
Bacteroidota	*Polaribacter*	*Polaribacter sp. ALD11*	0,001	0–0	●
Bacillota	*Turicibacter*	*Turicibacter sp. H121*	0,001	0–0,01	●
Synergistota	*Pyramidobacter*	*Pyramidobacter piscolens*	0,001	0–0,0022	●
Verrucomicrobiota	*Akkermansia*	*Akkermansia muciniphila*	0,0009	0,0001–8,18	●
Bacillota	*Eubacterium*	*Eubacterium maltosivorans*	0,0009	0–0,0079	●
Bacillota	*Roseburia*	*Roseburia sp. 499*	0,0009	0–0,0172	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus gwangjuensis*	0,0009	0–0,0004	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus parapneumoniae*	0,0009	0–0,0003	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus ilei*	0,0009	0–0,0064	●
Bacillota	*Gemella*	*Gemella sanguinis*	0,0009	0–0,0045	●
Bacillota	*Caproicibacterium*	*Caproicibacterium amylolyticum*	0,0008	0–0,0035	●
Bacillota	*Butyricicoccus*	*Butyricicoccus porcorum*	0,0008	0–0,0287	●
Bacillota	*Intestinibacillus*	*Intestinibacillus sp. NTUH-41-i26*	0,0008	0–0,0244	●
Bacillota	*Clostridium*	*Clostridium cadaveris*	0,0008	0–0,0279	●
Bacillota	*Coprococcus*	*Coprococcus sp. ART55/1*	0,0008	0,0006–4,35	●
Bacillota	*Romboutsia*	*Romboutsia sp. CE17*	0,0008	0–0,0052	●
Bacillota	*Christensenella*	*Christensenella massiliensis*	0,0008	0–0,0315	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. K0074*	0,0008	0–0,0005	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. HSISS2*	0,0008	0–0,0022	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus cristatus*	0,0008	0–0,0016	●
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus canis*	0,0008	0–0,0018	●

Phylum	Genere	Specie	%	Riferimento %
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus pneumoniae*	0,0008	0–0,0159
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus australis*	0,0008	0–0,0134
Bacillota	*Thomasclavelia*	*Thomasclavelia ramosa*	0,0008	0,0005–0,061
Bacillota	*Phascolarctobacterium*	*Phascolarctobacterium succinatutens*	0,0008	0–2,07
Actinomycetota	*Rothia*	*Rothia mucilaginosa*	0,0008	0,0001–0,0269
Actinomycetota	*Adlercreutzia*	*Adlercreutzia hattorii*	0,0008	0–0,2811
Bacillota	*Chordicoccus*	*Chordicoccus furentiruminis*	0,0007	0–0,0056
Actinomycetota	*Bifidobacterium*	*Bifidobacterium pseudocatenulatum*	0,0007	0–0,6272
Actinomycetota	*Actinomyces*	*Actinomyces massiliensis*	0,0007	0–0,0012
Bacteroidota	*Bacteroides*	*Bacteroides sp. M10*	0,0005	0,0001–0,1055
Bacteroidota	*Parabacteroides*	*Parabacteroides sp. ASD2025*	0,0005	0–0,0159
Bacillota	*Blautia*	*Blautia parvula*	0,0005	0–0,0086
Bacillota	*Wansuia*	*Wansuia hejianensis*	0,0005	0,0002–0,043
Bacillota	*Romboutsia*	*Romboutsia sp. 13368*	0,0005	0–0,0068
Bacillota	*Aminipila*	*Aminipila luticellarii*	0,0005	0–0,0062
Bacillota	*Ihubacter*	*Ihubacter sp. rT4E-8*	0,0005	0–0,0223
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus sp. A12*	0,0005	0–0,0049
Bacillota	*Streptococcus*	*Streptococcus koreensis*	0,0005	0–0,0029
Bacillota	*Gemella*	*Gemella morbillorum*	0,0005	0–0,0009

Il test: metodo e limiti

Dalle colture al DNA

Lo studio del microbiota intestinale è iniziato con tecniche colturali tradizionali, cioè facendo crescere i microrganismi su terreni specifici in laboratorio. Questi metodi hanno permesso i primi passi nella comprensione dell'ecosistema intestinale, ma hanno un limite importante: molti batteri dell'intestino umano non riescono a crescere in condizioni artificiali. Di conseguenza, con le sole tecniche coltura-dipendenti si riesce a osservare solo una parte (circa il 20–30%) della reale diversità microbica.

Con l'introduzione delle tecnologie molecolari il punto di vista è cambiato: non è più necessario "vedere" il microrganismo vivo, ma è sufficiente analizzarne il DNA. Il materiale genetico viene estratto direttamente dal campione fecale e studiato senza passare dalla coltura. Questo approccio, chiamato metagenomica, permette una fotografia molto più completa e rappresentativa del microbiota intestinale.

La tecnologia di riferimento per la metagenomica è il Next-Generation Sequencing (NGS), che richiede competenze avanzate sia in laboratorio che in ambito bioinformatico per garantire risultati accurati, affidabili e riproducibili.

Cosa valuta questo test

L'analisi metagenomica del microbiota intestinale offre una panoramica dettagliata della composizione microbica del tratto gastrointestinale e permette di evidenziare eventuali disbiosi o squilibri tra le principali popolazioni batteriche.

Questo tipo di test può essere di supporto in numerosi contesti clinici, tra cui:

- Disturbi gastrointestinali funzionali e infiammatori(sindrome dell'intestino irritabile – IBS, malattie infiammatorie croniche intestinali – IBD, colite, gonfiore, alterazioni dell'alvo).
- Patologie e condizioni metaboliche(sovrappeso, obesità, sindrome metabolica, insulino-resistenza, diabete di tipo 2).
- Disordini del sistema immunitario(allergie, intolleranze alimentari, dermatiti, malattie autoimmuni, modulazione dell'infiammazione cronica).
- Benessere mentale e neuropsichiatrico grazie al legame intestino-cervello, il profilo del microbiota può fornire indicazioni utili in caso di ansia, depressione, insonnia o alterazioni del tono dell'umore.
- Supporto nutrizionale e integrazione mirata. Il quadro ottenuto aiuta a definire interventi personalizzati tramite alimentazione, prebiotici, probiotici e altri integratori volti a riequilibrare il microbiota.

Il test può essere ripetuto nel tempo per monitorare l'evoluzione del microbiota in risposta a modifiche della dieta, dello stile di vita o a trattamenti mirati, favorendo un percorso clinico personalizzato e basato su dati oggettivi.

Tecnologia utilizzata

Il test si basa sulla tecnologia Next-Generation Sequencing (NGS) con approccio Whole Genome Shotgun (WGS), che analizza in modo esteso l'intero DNA microbico presente nel campione fecale.

Il flusso di lavoro comprende:

- Estrazione del DNA microbico dal campione fecale.
- Sequenziamento shotgun dell'intero DNA estratto, per cogliere la massima diversità possibile di batteri, archea, virus e altri microrganismi.
- Classificazione tassonomica e funzionale dei microrganismi, tramite confronto con database di riferimento aggiornati e scientificamente validati.
- Quantificazione relativa delle specie identificate e calcolo di indici ecologici e metabolici, che descrivono diversità, equilibrio tra gruppi batterici e potenziale produttivo di metaboliti chiave.

Grazie a questo approccio è possibile:

- descrivere la composizione del microbiota intestinale a diversi livelli (phylum, genere, specie);
- stimare la capacità funzionale della comunità batterica;
- individuare eventuali squilibri (disbiosi);
- riconoscere microrganismi potenzialmente patogeni, specie probiotiche e produttori di metaboliti importanti per la salute intestinale e generale (es. acidi grassi a corta catena, vitamine, molecole pro- o anti-infiammatorie).

Limiti del test

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.

Riferimenti e tracciabilità

1. Chiu CY, Miller SA. Clinical metagenomics. Nat Rev Genet. 2019;20(6):341-355. doi:10.1038/s41576-019-0113-7
2. Nishiwaki H, Ueyama J, Ito M, et al. Meta-analysis of shotgun sequencing of gut microbiota in Parkinson's disease. npj Parkinsons Dis. 2024;10:106. doi:10.1038/s41531-024-00724-z
3. Gu W, Miller S, Chiu CY. Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogen Detection. Annu Rev Pathol. 2019;14:319–338. doi:10.1146/annurev-pathmechdis-012418-012751
4. Porcari S, et al. International consensus statement on microbiome testing in clinical practice. The Lancet Gastroenterology & Hepatology. 10(2):154-167.
5. Gao B, Chi L, Zhu Y, et al. An introduction to next generation sequencing bioinformatic analysis in gut microbiome studies. Biomolecules. 2021;11(4):530. doi:10.3390/biom11040530
6. Durazzi F, Sala C, Castellani G, et al. Comparison between 16S rRNA and shotgun sequencing data for the taxonomic characterization of the gut microbiota. Sci Rep. 2021;11:3030. doi:10.1038/s41598-021-82726-y
7. Gupta VK, Kim M, Bakshi U, et al. A predictive index for health status using species-level gut microbiome profiling. Nat Commun. 2020;11:4635. doi:10.1038/s41467-020-18476-8

Tracciabilità dell'analisi

Identificativo report	666109
Data del report	06/11/2026
Modello PDF	neobioma_aurora_wgs_v1
Versione dell'analisi	3.2.3-historical.20260519-fix1940-afx20261005
Banche dati	PLUSPF_20250714 · EUPATH48_20230407
Esito controllo qualità	PASS
Validato da	Federico Gabrielli
Letture analizzate	1.294.064
Quota esclusa come DNA umano	0,33%
Letture classificate	71,4%
Letture non classificate	28,6%

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