Centro del Microbiota

Report analisi del MICROBIOMA INTESTINALE

Centro del Microbiota

Analisi del Microbioma Intestinale

Report del Microbioma Intestinale · Campione fecale · Metodica: Shotgun Metagenomics

NOMINATIVO	DATA DI NASCITA
Maria Rossi	**01/01/1980**
CODICE ANALISI	DATA REPORT
STF0037522	**25/10/2026**

Gentile Cliente,

grazie per aver scelto di intraprendere un percorso di conoscenza verso una maggiore comprensione della sua individualità microbiologica. Questo report rappresenta il risultato dell'analisi della composizione e delle caratteristiche del suo microbioma intestinale, un ecosistema complesso di microrganismi che svolgono un ruolo fondamentale nella digestione, nell'assorbimento dei nutrienti, nel metabolismo, nella regolazione del sistema immunitario e nel benessere generale.

Il nostro obiettivo è fornirle uno strumento informativo e personalizzato, utile per comprendere come l'equilibrio del microbiota possa influenzare diversi aspetti della salute e per stimolare riflessioni consapevoli sulle scelte quotidiane in ambito alimentare e di stile di vita.

Il test non ha finalità diagnostiche:

l'eventuale presenza di squilibri o peculiarità nella composizione del microbioma non implica necessariamente l'esistenza attuale né l'insorgenza certa di una patologia. Le informazioni contenute in questo documento non costituiscono prescrizione medica e non devono essere utilizzate in autonomia per finalità cliniche. Si tratta di valutazioni a carattere statistico e informativo, basate sulle più recenti evidenze scientifiche disponibili.

Per una corretta interpretazione dei risultati è sempre consigliabile discuterne con il proprio medico curante o con un altro professionista sanitario di riferimento, in particolare in presenza di patologie, sintomi o terapie in corso.

Il presente report è redatto nel rispetto delle competenze professionali del biologo, ai sensi della normativa vigente.

Un caro saluto,

Il team del Centro del Microbiota

Schema del Report

Al fine di facilitare la lettura e garantire una migliore comprensione, il presente documento è suddiviso nelle seguenti sezioni, ciascuna delle quali offre un approfondimento specifico, informazioni o riferimenti.

- *Introduzione*

1 **Sintesi e analisi dei risultati**

2 **Principali parametri e indici**

3 **Diversità delle popolazioni microbiche**

4 **Batteri patogeni e patobionti rilevati**

5 **Funghi, virus e parassiti rilevati**

6 **Metabolismo**

7 **Next Generation Bacteria**

8 **Consigli in ambito nutrizionale e nutraceutico**

9 **Lista delle specie batteriche identificate**

- *Note legali*
- *Bibliografia*

Sebbene la suddivisione in sezioni sia pensata per guidare il lettore attraverso i vari aspetti dell'analisi, è fondamentale considerare i dati nel loro insieme. Ogni area offre un'analisi specifica, ma la comprensione completa del profilo del microbioma emerge solo dall'insieme di tutte le informazioni. Questo approccio integrato permette di cogliere le interrelazioni tra i vari fattori, offrendo una visione essenziale per una corretta interpretazione.

Introduzione

Il test del Microbioma Intestinale proposto dal Centro del Microbiota ed elaborato e interpretato dal nostro laboratorio, fornisce un'analisi approfondita della composizione microbica dell'intestino, valutando la presenza e l'equilibrio delle principali comunità batteriche e di altri microrganismi. Il presente report include la descrizione dei gruppi microbici più rilevanti per il benessere e l'analisi degli indici di diversità e di equilibrio del microbiota. Il referto comprende, inoltre, valutazioni mirate sugli aspetti nutrizionali e sul potenziale impatto del microbioma su fattori metabolici.

Il test può evidenziare squilibri o caratteristiche peculiari del microbioma che, in letteratura scientifica, risultano associati a determinate condizioni. È importante comprendere che una specifica composizione microbica non indica la presenza attuale né la futura comparsa della condizione associata: il microbioma è un ecosistema dinamico e modulabile, influenzato dall'alimentazione, dallo stile di vita, dall'uso di farmaci e dall'ambiente. L'adozione di abitudini salutari può contribuire a favorire un microbiota più equilibrato; al contrario, stili di vita poco salutari possono alterarne la composizione e associarsi a effetti meno favorevoli.

L'interpretazione e i consigli suggeriti hanno il solo fine di favorire la consapevolezza individuale sul proprio profilo microbiomico nell'ambito dell'ottimizzazione dello stile di vita. Le valutazioni e le interpretazioni presenti nel report si basano sulle evidenze scientifiche più aggiornate e sulle conoscenze attuali in ambito microbiologico e nutrizionale. La ricerca sul microbioma è in continua evoluzione e nuove scoperte potrebbero ampliare ulteriormente la comprensione di questi risultati. Tutte le informazioni fornite devono quindi essere utilizzate come strumento di supporto da condividere con il proprio professionista sanitario di riferimento: il medico curante potrà eventualmente contestualizzare questi dati nel quadro clinico individuale e fornire le raccomandazioni più appropriate. Per garantire il più alto standard di qualità, l'interpretazione dei dati e l'elaborazione del presente report sono eseguite da un biologo altamente qualificato, iscritto all'Ordine Nazionale dei Biologi e con esperienza consolidata in microbiologia, nutrizione e nelle scienze omiche applicate al benessere.

I campioni biologici vengono analizzati presso un laboratorio esterno situato in Italia, dotato di tutte le certificazioni di qualità e sicurezza necessarie, a garanzia dell'affidabilità dei risultati. L'analisi viene condotta mediante metodica metagenomica Shotgun. Tutti i dati personali e biologici raccolti sono trattati con la massima riservatezza e in piena conformità con il Regolamento Generale sulla Protezione dei Dati (GDPR) e le normative vigenti, garantendo la sicurezza e la protezione delle informazioni dei nostri utenti in ogni fase del processo.

È fondamentale sottolineare che il test non ha finalità diagnostiche: i risultati ottenuti e la loro interpretazione non sostituiscono in alcun modo una valutazione clinica specialistica né un consulto medico tradizionale. Le informazioni fornite rappresentano indicazioni descrittive e statistiche e vanno sempre considerate nel contesto del quadro clinico generale della persona.

Obiettivi del test

- Valutare la composizione del microbioma intestinale.
- Fornire raccomandazioni personalizzate per il miglioramento dello stile di vita e delle scelte alimentari.
- Offrire strumenti per comprendere meglio i fattori che modulano l'equilibrio microbico e il benessere complessivo.

Microbioma e benessere

Il microbioma intestinale è l'insieme delle decine di migliaia di miliardi di microrganismi (principalmente batteri, ma anche virus, archei e funghi) che colonizzano il tratto gastrointestinale. Questo ecosistema complesso svolge un ruolo essenziale nei processi digestivi, nella produzione di metaboliti benefici (come gli acidi grassi a catena corta), nella sintesi di vitamine, nella regolazione dell'infiammazione e nel supporto al sistema immunitario.

Ogni individuo possiede un microbioma unico, modellato da fattori genetici, ambientali, alimentari e dallo stile di vita. Un microbioma diversificato e bilanciato è generalmente considerato un indicatore di buona salute, mentre gli squilibri possono essere associati a condizioni metaboliche, gastrointestinali, immunitarie e infiammatorie.

L'analisi del microbioma permette di identificare la composizione microbica, stimare il potenziale di produzione di determinati metaboliti e calcolare i principali indici e rapporti. Sebbene il microbioma ci fornisca un quadro delle interazioni tra corpo e microrganismi, sono le nostre scelte quotidiane a determinare in larga misura il suo equilibrio. Un'alimentazione corretta ricca di fibre, un'attività fisica regolare, un sonno di qualità e la riduzione dello stress rappresentano strumenti fondamentali per favorire un microbiota sano e contribuire al mantenimento del benessere intestinale e sistemico.

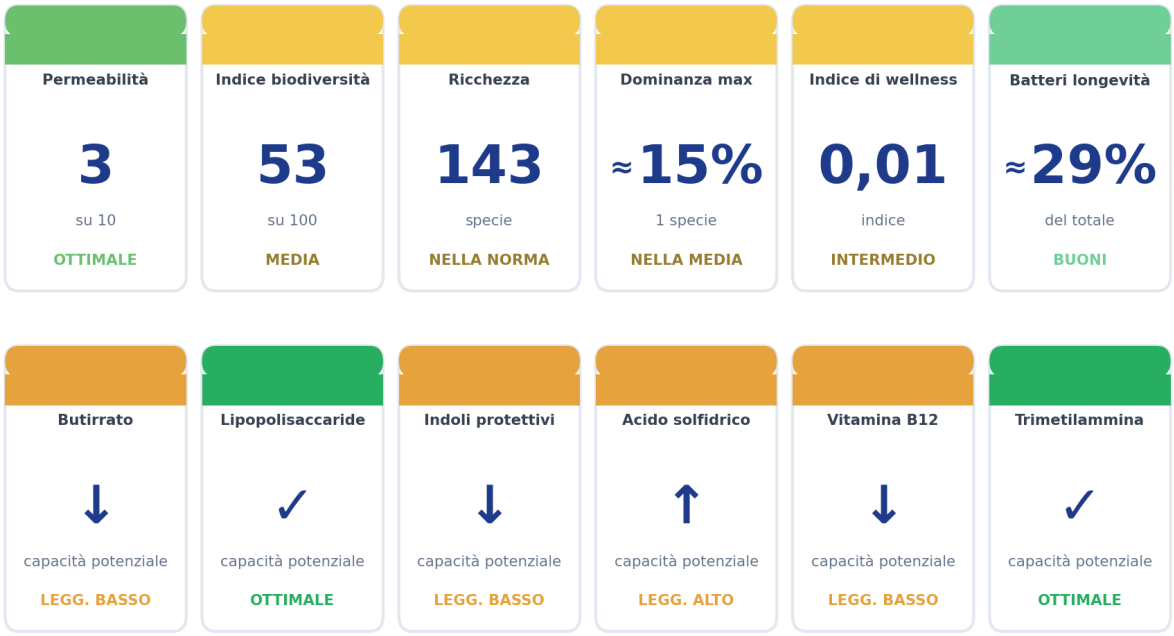
1. Sintesi e analisi dei risultati

In questa sezione viene proposta una sintesi interpretativa dei risultati emersi dall'analisi del microbioma intestinale, ottenuta integrando i diversi parametri rilevati alla luce della letteratura scientifica più recente.

Le considerazioni si basano esclusivamente sui dati del test e non tengono conto di variabili personali come lo stile di vita, l'assunzione di farmaci, l'integrazione già in atto, la familiarità, le condizioni mediche, eventuali allergie, intolleranze o terapie farmacologiche in corso.

La sintesi va sempre interpretata insieme al medico curante o al professionista sanitario di riferimento, che potrà contestualizzarla all'interno del quadro clinico individuale.

Sintesi e considerazioni sui risultati



In un referto reale qui si trova la sintesi interpretativa dei risultati.

2. Principali parametri e indici

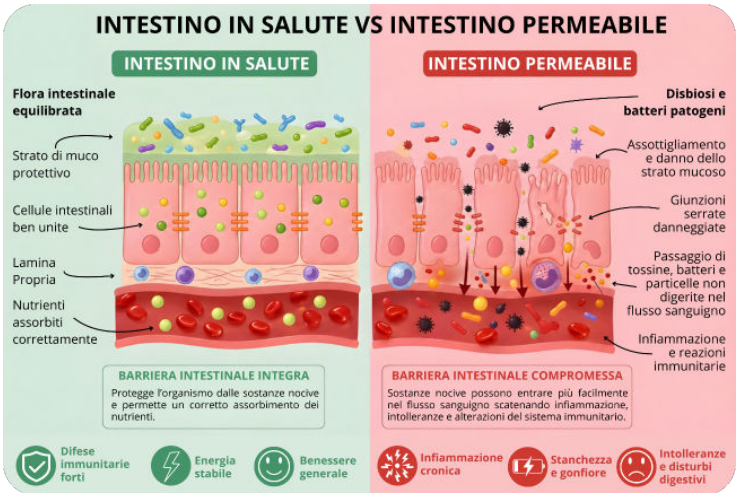
In questa sezione vengono presentati i principali indicatori che descrivono lo stato di equilibrio e la funzionalità complessiva del microbiota intestinale. Ogni indicatore è accompagnato da una scala grafica che evidenzia la posizione del valore personale rispetto a riferimenti orientativi; le soglie numeriche dipendono dalla metodica di laboratorio e non costituiscono cut-off diagnostici universali. È anche per questo che, accanto a indicatori che riprendono indici descritti in letteratura scientifica, il nostro laboratorio ha sviluppato indici proprietari, elaborati e tarati su coorti interne analizzate con la stessa metodica: costruire il riferimento sui dati prodotti dalla medesima procedura analitica consente di collocare il valore osservato con maggiore aderenza rispetto a un intervallo mutuato da studi condotti con tecniche differenti.

Indice di permeabilità della barriera intestinale

Questo parametro è un indice calcolato dal profilo microbico, non una misura diretta della permeabilità intestinale: stima quanto la composizione batterica rilevata somiglia ai profili che la letteratura associa a una barriera ben sostenuta. Il punteggio riassume più marcatori, da un lato la presenza di gruppi batterici associati a una mucosa meno protetta, dall'altro una minore presenza dei batteri che sostengono la barriera, in particolare i produttori di butirrato, e la varietà complessiva delle specie. La barriera intestinale agisce come filtro selettivo: permette il passaggio dei nutrienti e blocca tossine e patogeni. Un aumento della permeabilità (leaky gut) può favorire infiammazione cronica e disturbi metabolici.

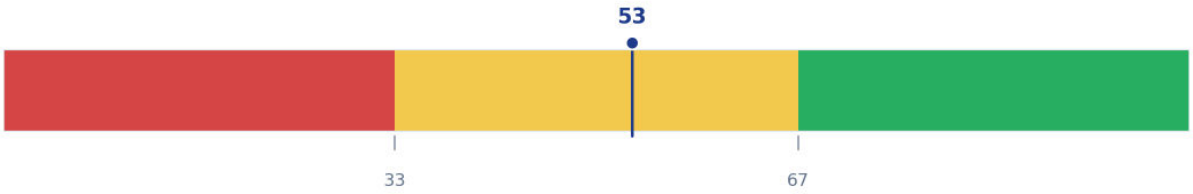
Punteggio 1-4 profilo favorevole · 5-7 intermedio · 8-10 profilo meno favorevole alla barriera.





Indice di biodiversità

Sintetizza in un unico valore 0–100 ricchezza, diversità effettiva ed equilibrio della flora. Valori alti indicano una comunità ricca ed equilibrata.

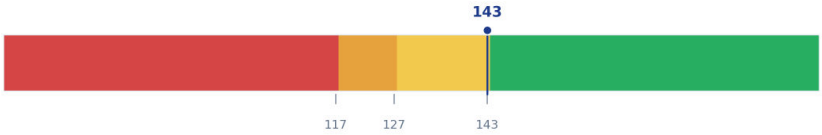


Profilo di biodiversità

Tre misure complementari (in numero effettivo di specie) che scompongono l'indice di biodiversità: quante specie sono presenti, quante contano davvero e quanto la comunità è equilibrata.

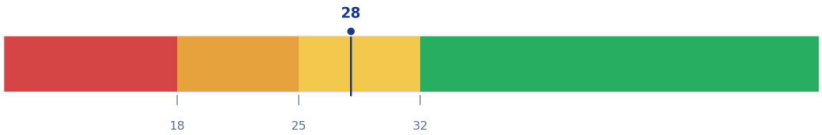
Ricchezza

Numero di specie diverse rilevate. Una ricchezza elevata indica un ecosistema più articolato e resiliente.



Diversità effettiva

Quante specie contribuiscono realmente all'equilibrio, pesate per abbondanza. Valori ridotti segnalano una diversità reale limitata.



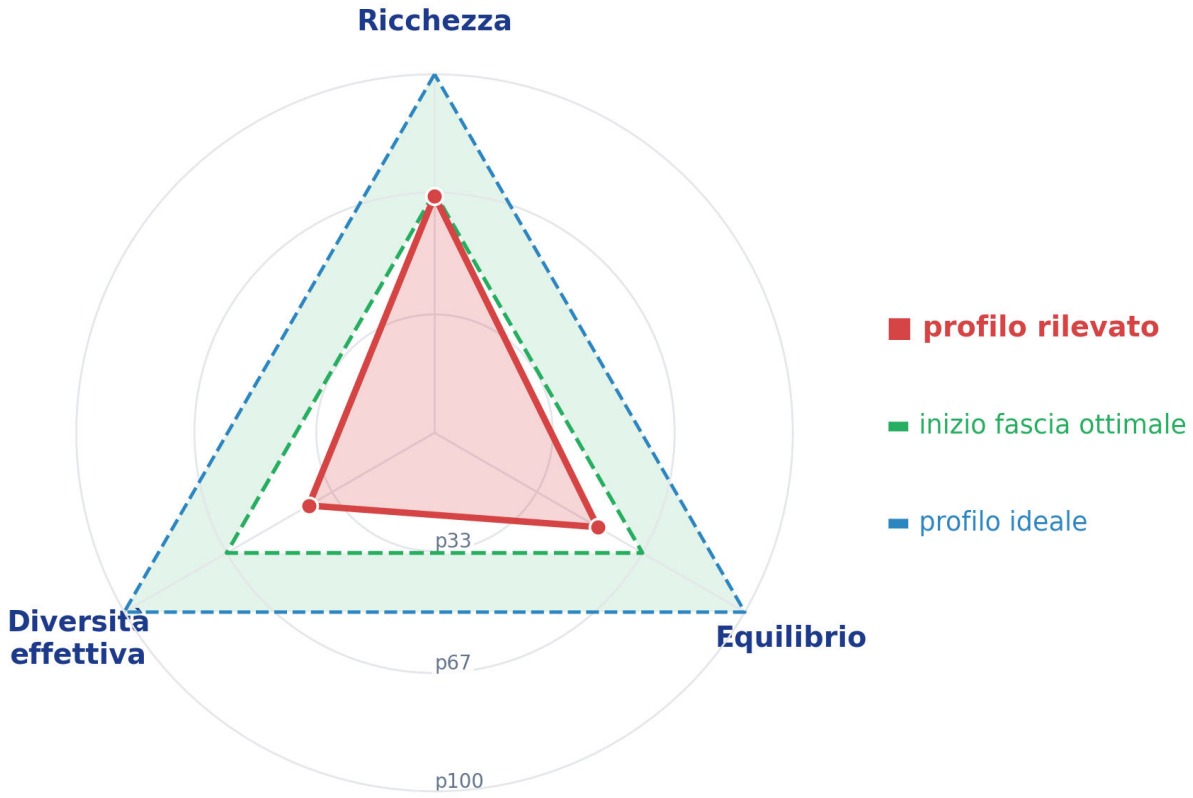
Equilibrio / dominanza

Da quante specie è realmente dominata la comunità. Valori bassi indicano poche specie prevalenti e minore capacità di adattamento.



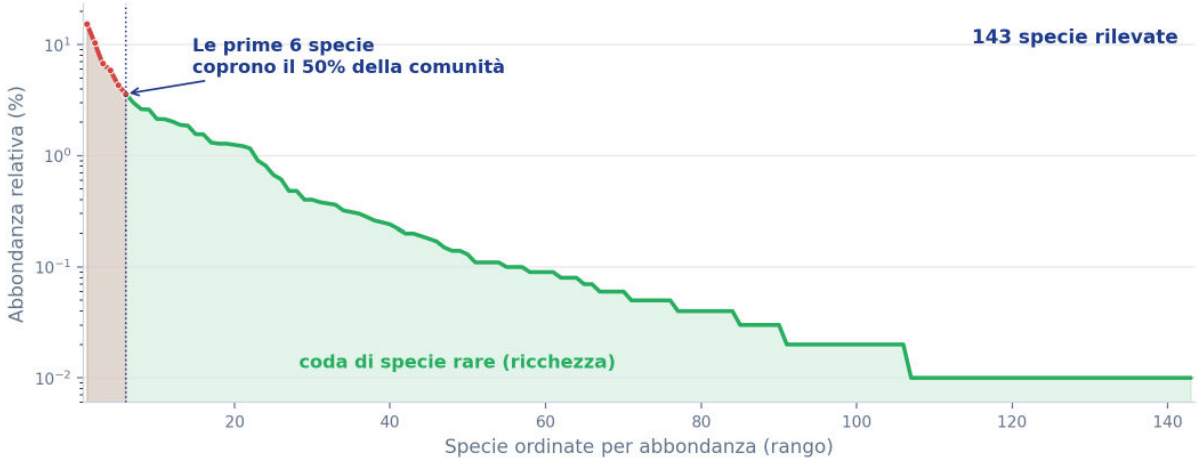
La forma della diversità

Il triangolo unisce i tre parametri del profilo di biodiversità, ciascuno espresso come posizione rispetto alla popolazione di riferimento. Il triangolo azzurro è il profilo ideale, il massimo auspicabile; più il triangolo rosso gli si avvicina, più il profilo è ricco ed equilibrato, e la fascia ottimale comincia già dal triangolo verde. Se il triangolo collassa verso il centro, poche specie dominano la comunità.



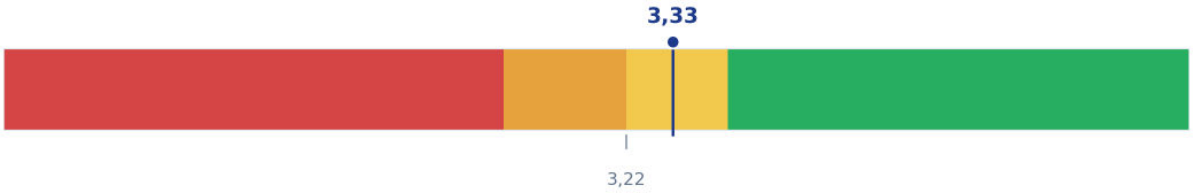
Curva rango-abbondanza

Ordina tutte le specie dalla più alla meno abbondante. Una discesa graduale con una coda lunga indica una comunità ricca ed equilibrata; una caduta ripida segnala poche specie dominanti.



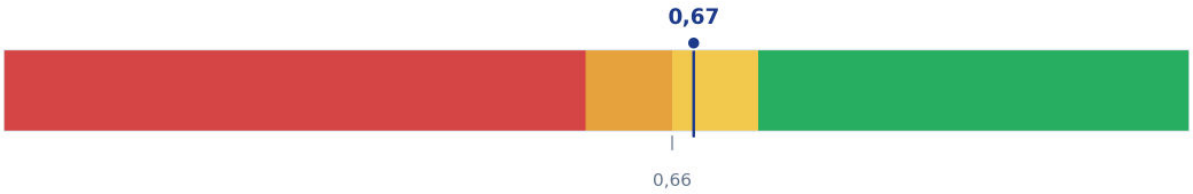
Indice di Shannon

Misura la diversità del microbiota tenendo conto sia del numero di specie sia della loro distribuzione in termini di abbondanza. Valori più elevati indicano una comunità microbica maggiormente diversificata, mentre valori più bassi riflettono una diversità ridotta, descritta in letteratura in associazione a diversi fattori, tra cui uso prolungato di antibiotici, stress e alcuni profili infiammatori.



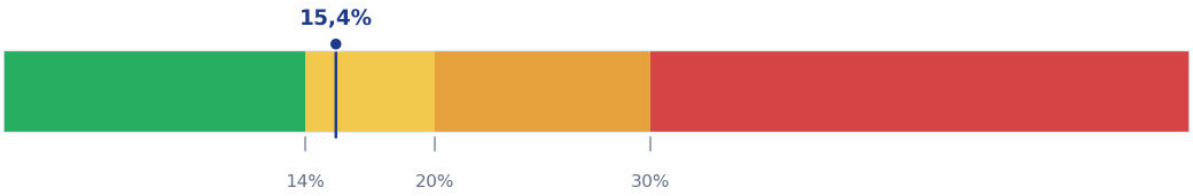
Indice di Pielou

Misura quanto le specie microbiche siano distribuite uniformemente all'interno della comunità intestinale. Valori più elevati indicano una distribuzione più omogenea delle abbondanze, mentre valori più bassi segnalano una maggiore dominanza da parte di un numero limitato di specie.



Dominanza della specie prevalente

Indica quanto il microbiota sia equilibrato o, al contrario, dominato da poche specie: rappresenta la quota percentuale del batterio più abbondante nel campione. Una quota contenuta riflette una comunità equilibrata; una dominanza marcata segnala che una singola specie occupa gran parte dell'ecosistema, condizione associata a minore stabilità.



Rapporto Gram+ / Gram–

Riflette la ripartizione della comunità microbica fra i due grandi gruppi di parete. Valori elevati indicano una prevalenza di Bacillota (Firmicutes) e Actinomycetota (Actinobacteria) con una quota ridotta di Bacteroidota (Bacteroidetes), condizione che si accompagna a un rapporto Bacillota/Bacteroidota elevato. Valori bassi indicano una comunità spostata verso i Gram-negativi: nell'intestino si tratta prevalentemente di Bacteroidota, il cui lipopolisaccaride ha bassa capacità pro-infiammatoria, mentre il potenziale infiammatorio legato all'endotossina dipende soprattutto dalla quota di Enterobacteriaceae, valutata separatamente nella sezione dedicata al metabolismo.



Rapporto Aerobi / Anaerobi

Indica l'equilibrio ecologico intestinale: in condizioni fisiologiche predominano nettamente gli anaerobi obbligati, che sostengono la fermentazione saccarolitica e la produzione di acidi grassi a corta catena. Un'espansione relativa degli anaerobi facoltativi (in prevalenza Enterobacteriaceae) riflette una possibile alterazione delle condizioni di anaerobiosi, associata in letteratura a processi infiammatori. Un valore contenuto rappresenta la condizione attesa.



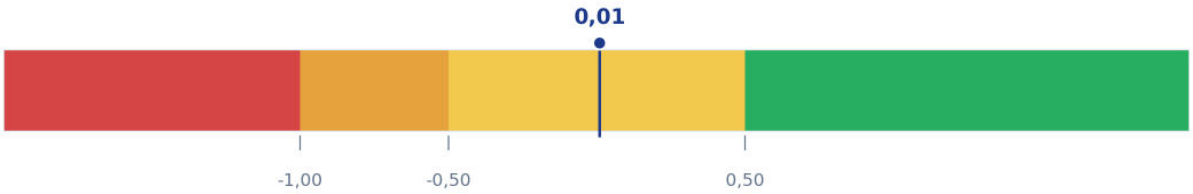
Traslocazione orale-intestino

Stima la presenza nel campione fecale di batteri tipicamente residenti nel cavo orale. Una loro quota contenuta è la condizione attesa; livelli più elevati possono riflettere una maggiore migrazione di specie dalla bocca all'intestino, aspetto studiato in relazione all'equilibrio e alla resistenza alla colonizzazione dell'ecosistema intestinale.



Indice di wellness del microbiota (GMWI2)

Sintetizza in un unico valore quanto il profilo complessivo del microbiota assomigli a quello tipicamente osservato negli individui in buona salute, confrontando i gruppi batterici associati al benessere con quelli meno favorevoli. Valori più alti indicano un profilo più vicino a quello di uno stato di salute, secondo la letteratura scientifica; valori più bassi un profilo più distante.



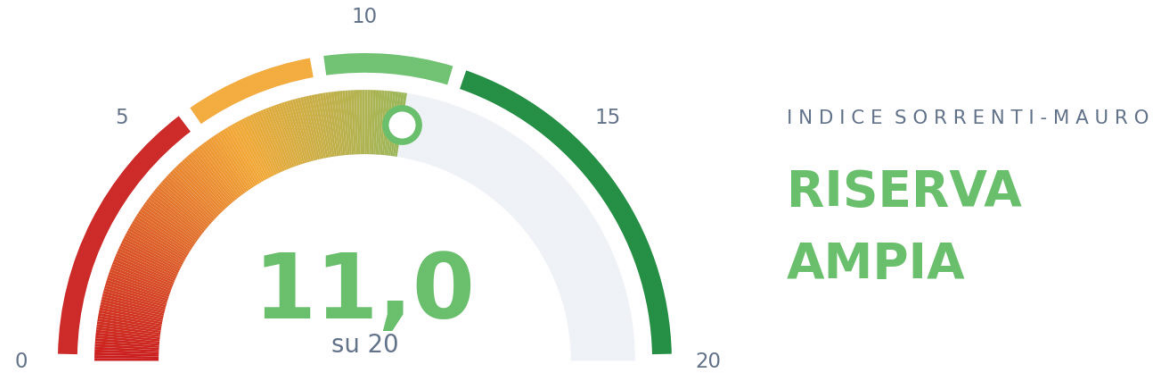
Batteri della longevità

Mostra la presenza di gruppi microbici associati in letteratura a longevità e benessere metabolico. Una loro adeguata presenza contribuisce alla protezione della barriera intestinale, alla modulazione immunitaria e alla produzione di metaboliti benefici, indicando un microbiota in linea con i fattori associati a una migliore aspettativa di vita.



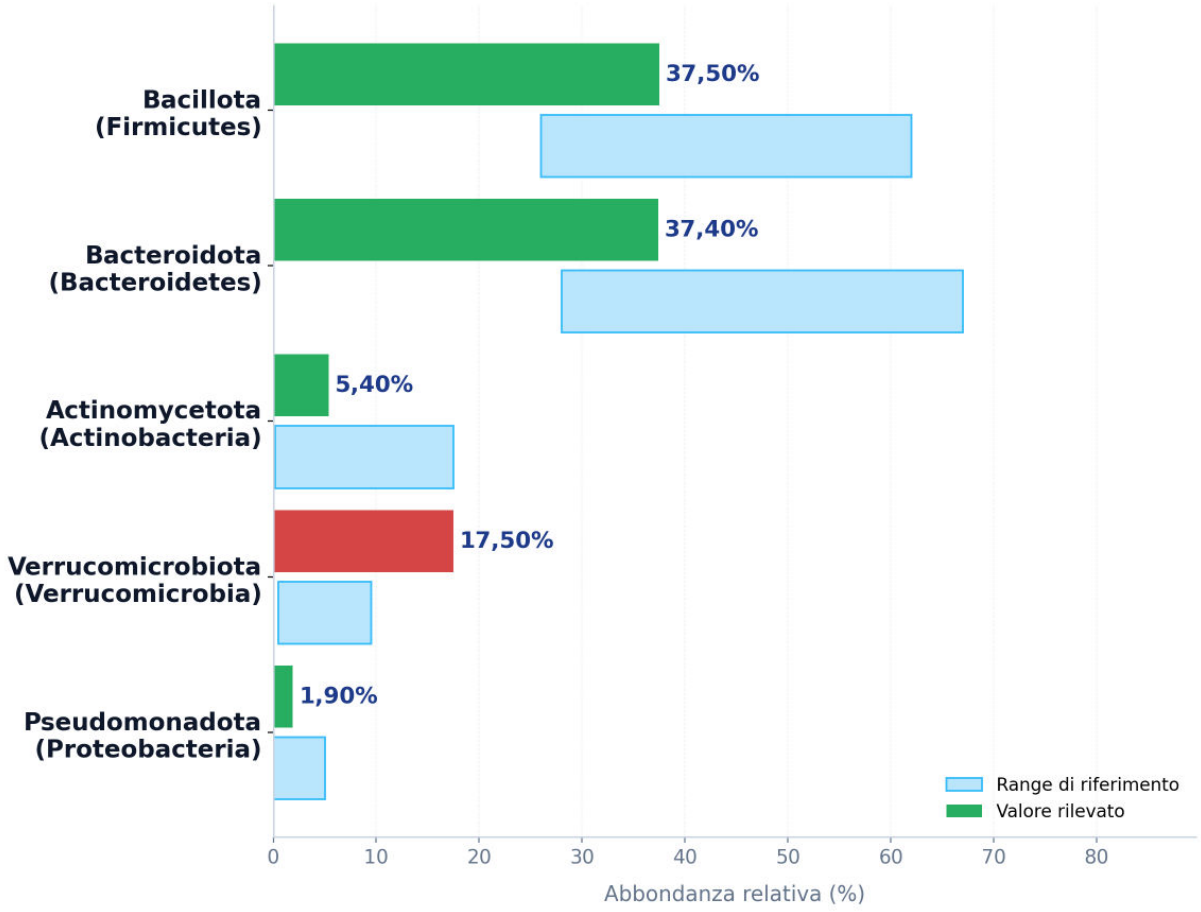
Indice di riserva funzionale (Indice SM)

Descrive quanto le funzioni fermentative dell'ecosistema siano diffuse fra le specie presenti e ripartite fra loro, e se sono presenti alcuni gruppi microbici che in letteratura ricorrono nei profili più equilibrati. Valori più elevati descrivono un ecosistema con più margine per mantenere le proprie funzioni di base; valori più bassi un margine più ristretto.



3. Diversità delle popolazioni microbiche

Il grafico seguente confronta la composizione microbica rilevata con la media di riferimento, mostrando le proporzioni dei principali phyla batterici. Bacillota e Bacteroidota dominano il microbiota sano; un eccesso di Pseudomonadota segnala potenziale disbiosi, mentre valori adeguati di Verrucomicrobiota e Actinomycetota sono generalmente considerati positivi entro un range appropriato, in quanto associati a salute metabolica e longevità. I range di riferimento hanno valore orientativo, data l'elevata variabilità individuale del microbiota. I nomi dei phyla batterici seguono la nomenclatura procariotica oggi formalmente valida, adottata dalle principali banche dati internazionali. Le corrispondenze con le denominazioni storiche, tuttora prevalenti nella letteratura scientifica, sono le seguenti: Bacillota corrisponde a Firmicutes, Bacteroidota a Bacteroidetes, Actinomycetota ad Actinobacteria, Pseudomonadota a Proteobacteria e Verrucomicrobiota a Verrucomicrobia. Si tratta di un aggiornamento della sola denominazione: i gruppi batterici, i valori rilevati e gli intervalli di riferimento restano invariati.



Valori rilevati e range di riferimento

Nella tabella seguente sono riportati i valori rilevati nel campione analizzato a confronto con i range di riferimento di letteratura. L'indicatore a destra mostra se il valore rientra nel range ottimale (✓ verde) oppure se si colloca fuori range, in eccesso o difetto (✗ rosso).

Phylum	Valore rilevato	Range di riferimento	Stato
Bacillota	**37,50 %**	26,0 % – 62,0 %	✓
Bacteroidota	**37,40 %**	28,0 % – 67,0 %	✓
Actinomycetota	**5,40 %**	0,2 % – 17,5 %	✓
Verrucomicrobiota	**17,50 %**	0,0 % – 9,5 %	✗
Pseudomonadota	**1,90 %**	0,0 % – 5,0 %	✓

Rapporto Bacillota / Bacteroidota

Bacillota e Bacteroidota costituiscono la quota predominante dei batteri intestinali e il loro rapporto fornisce un'indicazione sull'equilibrio dell'ecosistema microbico. Trattandosi di un rapporto, la scala è rappresentata in forma logaritmica e le fasce sono simmetriche rispetto al valore 1: dimezzarsi e raddoppiare corrispondono a scostamenti della stessa entità. Il range indicato (0,40–2,50) ha valore orientativo: un rapporto inferiore a 1 indica prevalenza di Bacteroidota, un rapporto superiore a 1 predominanza di Bacillota.



4. Batteri patogeni e patobionti rilevati

Di seguito sono riportati gli eventuali batteri patogeni e patobionti rilevati nel campione fecale, ossia microrganismi che, secondo la letteratura scientifica, possono risultare potenzialmente dannosi per l'equilibrio intestinale.

I batteri patogeni sono specie che possono causare infezioni o infiammazione anche a basse concentrazioni. I patobionti, invece, sono componenti normalmente presenti del microbiota che, in condizioni di squilibrio o ridotta diversità, possono diventare nocivi. La loro presenza in quantità elevate è potenziale indice di disbiosi e può contribuire ad alterazioni della barriera intestinale, processi infiammatori e disturbi metabolici.

Nel campione analizzato sono state ricercate decine di migliaia di specie batteriche, garantendo una caratterizzazione ad alta profondità del microbiota intestinale.

L'elenco di tutte le specie rilevate con un'abbondanza relativa pari o superiore a 0,01 % è disponibile nella sezione "9. Lista delle specie batteriche identificate". Per consultare la lista completa delle specie batteriche ricercate, è possibile scansionare il QR Code presente al termine della sezione 9.

Risultato dell'analisi

Eggerthella lenta 2,14%
Flavonifractor plautii 0,81%

5. Funghi, virus e parassiti rilevati

In questa sezione vengono riportati i microrganismi non batterici eventualmente rilevati nel campione fecale: funghi (con abbondanza relativa > 0,1 %), virus e parassiti. L'analisi metagenomica Shotgun consente di ampliare significativamente lo spettro di rilevazione rispetto alle metodiche tradizionali.

Nel campione analizzato sono stati ricercati migliaia di microrganismi, comprendenti virus, funghi e parassiti.

Per consultare la lista completa delle specie ricercate scansionare il QR Code riportato al termine della sezione 9.

Funghi rilevati

Miceti	Abbondanza relativa nel micobiota (%)
Aspergillus flavus	**37,64**
Pichia kudriavzevii	**16,81**
Aspergillus niger	**8,98**
Saccharomyces cerevisiae	**8,45**
Sarocladium strictum	**6,77**
Kluyveromyces marxianus	**5,57**
Trichophyton mentagrophytes	**3,98**
Mucor velutinosus	**3,85**
Aspergillus nomiae	**3,01**
Candida albicans	**1,95**
Aspergillus fumigatus	**1,50**
Phialophora verrucosa	**0,44**
Beauveria bassiana	**0,40**
Pichia membranifaciens	**0,31**
Aspergillus latus	**0,18**
Aspergillus terreus	**0,18**

Virus rilevati

Nessun virus rilevato nel campione analizzato.

Parassiti rilevati

Nessun parassita rilevato nel campione analizzato.

6. Metabolismo

Il microbiota sintetizza direttamente alcuni neurotrasmettitori (come il GABA) e modula la biosintesi enterocromaffine della serotonina, influenzando l'asse intestino-cervello e il benessere emotivo. Le ammine biogene di origine putrefattiva (istamina, cadaverina e la quota di putrescina prodotta dai batteri proteolitici) derivano dalla fermentazione degli amminoacidi e, se prodotte in eccesso, possono risultare irritanti o pro-infiammatorie; la spermidina, prodotta prevalentemente dai commensali saccarolitici, ha invece un profilo favorevole, risultando coinvolta nei processi di autofagia e mantenimento cellulare. Per i composti benefici, come il GABA e la spermidina, è invece una produzione insufficiente a poter riflettere uno squilibrio del microbiota.

La flora intestinale contribuisce, inoltre, alla sintesi di vitamine (in particolare del gruppo B e vitamina K_2), produce acidi grassi a corta catena e altri acidi organici e intermedi energetici (come lattato, succinato e piruvato) e regola la produzione di gas intestinali. Alcuni cataboliti del triptofano e i prodotti della fermentazione proteolitica degli amminoacidi aromatici (imidazolo-propionato, p-cresolo) riflettono invece l'equilibrio tra fermentazione saccarolitica e proteolitica; la trimetilammina (TMA) origina dal metabolismo microbico di colina e carnitina alimentari, mentre il potenziale di lipopolisaccaride (LPS) dipende dalla quota di batteri Gram-negativi presenti nella comunità. L'attività dell'estroboloma influenza il metabolismo e il ricircolo degli ormoni estrogeni. Nel complesso, un metabolismo microbico equilibrato favorisce un ambiente intestinale sano, controlla l'infiammazione e sostiene il corretto funzionamento metabolico e immunitario dell'organismo. Gli stati riportati nelle tabelle seguenti esprimono il potenziale metabolico stimato a partire dalla composizione del microbiota, non una misura diretta dei metaboliti.

Acidi grassi a corta catena (SCFA)

Metabolita	Potenziale metabolico
Acetato	↓ Leggermente basso
Butirrato	↓ Leggermente basso
Propionato	✓ Ottimale

Acidi organici e intermedi energetici

Metabolita	Potenziale metabolico
Lattato	↑ Leggermente alto
Succinato	✓ Ottimale

Metabolita	Potenziale metabolico
Fumarato	↓ Leggermente basso
Piruvato	↓ Leggermente basso

Neurotrasmettitori

Metabolita	Potenziale metabolico
GABA	↓ Basso
Serotonina	✓ Ottimale

Cataboliti del triptofano

Metabolita	Potenziale metabolico
Indolo	↓ Leggermente basso
Acido indolacetico (IAA)	↓ Leggermente basso
Indoli protettivi (IPA/ILA)	↓ Leggermente basso
Triptammina	↑ Leggermente alto

Ammine biogene

Metabolita	Potenziale metabolico
Istamina	↑ Leggermente alto
Putrescina	✓ Ottimale
Cadaverina	✓ Ottimale
Spermidina	↓ Leggermente basso

Marcatori cardiometabolici

Metabolita	Potenziale metabolico
Trimetilammina (TMA)	✓ Ottimale
Imidazolo-propionato (ImP)	↑ Alto
p-Cresolo (p-cresil-solfato)	✓ Ottimale
Lipopolisaccaride (LPS)	✓ Ottimale
Etanolo	✓ Ottimale

Vitamine

Metabolita	Potenziale metabolico
Vitamina B1 (tiamina)	↓ Basso
Vitamina B2 (riboflavina)	↓ Basso
Vitamina B3 (niacina)	↓ Basso
Vitamina B5 (acido pantotenico)	↓ Basso
Vitamina B6 (piridossina)	↓ Basso
Vitamina B7 (biotina)	↓ Basso
Vitamina B9 (folato)	↓ Basso
Vitamina B12 (cobalamina)	↓ Leggermente basso
Vitamina K_2	↓ Basso

Polifenoli

Metabolita	Potenziale metabolico
Polifenoli (equolo/urolitine)	✓ Ottimale

Gas

Metabolita	Potenziale metabolico
Acido solfidrico (H_2S)	↑ Leggermente alto
Metano	✓ Ottimale

Acidi biliari

Metabolita	Potenziale metabolico
Acidi biliari secondari	✓ Ottimale

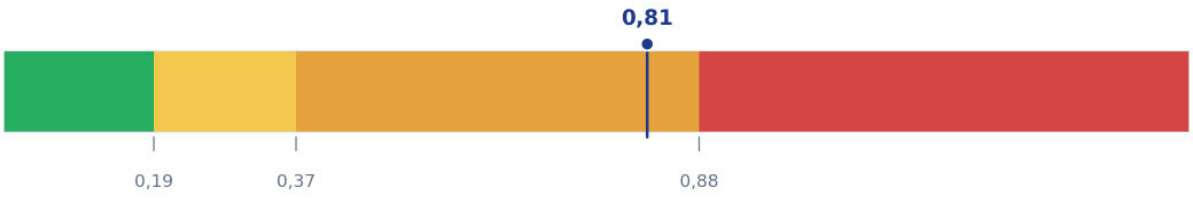
Estroboloma

L'estroboloma comprende gli enzimi batterici, in particolare β-glucuronidasi e solfatasi, coinvolti nella deconiugazione intestinale degli estrogeni glucuronidati e solfatati e nel loro potenziale ricircolo enteroepatico. Valori elevati indicano una maggiore rappresentazione del potenziale microbico associato a queste funzioni. Gli stessi enzimi agiscono anche su altri substrati (bilirubina, farmaci, xenobiotici e mucine).

Metabolita	Potenziale metabolico
β-glucuronidasi	✓ Ottimale
Sulfatasi	↑ Leggermente alto

Indice di rimodellamento del muco

Lo strato di muco viene continuamente prodotto e degradato: una parte dei batteri si nutre delle mucine, altri producono butirrato che ne sostiene la ricostruzione. L'indice confronta le due componenti: valori contenuti indicano che prevale il rinnovamento, valori più elevati che la quota mucolitica pesa di più. Si legge insieme alla sulfatasi riportata sopra.



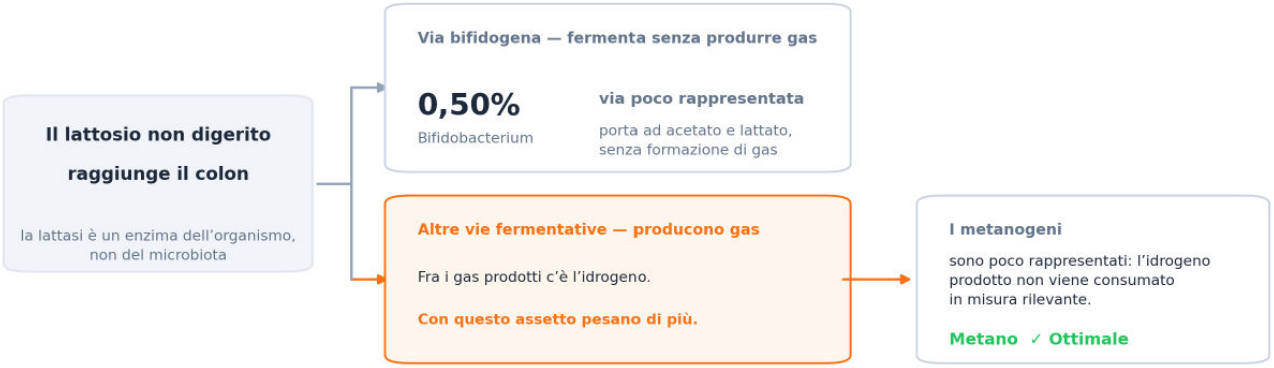
Lattosio: come il colon gestisce il carico

La digestione del lattosio avviene nell'intestino tenue per opera della lattasi, un enzima dell'organismo che il microbiota non produce e non sostituisce. La quota che non viene digerita prosegue nel colon, dove i batteri la fermentano, ed è questa seconda parte del percorso che il test descrive. In letteratura l'espressione della lattasi non dipende dalla presenza di lattosio nella dieta: non viene indotta dal suo consumo né ridotta dalla sua esclusione. La capacità del colon di trattare il lattosio cambia invece con l'esposizione abituale.

Quanto segue descrive l'assetto microbico rilevato e non costituisce una valutazione dell'intolleranza al lattosio, che si documenta con l'analisi genetica della persistenza della lattasi e con il breath test al lattosio.

Nel colon la capacità di fermentare il lattosio è comune a circa otto batteri intestinali su dieci: non è quindi la sua presenza a distinguere una persona dall'altra. A distinguere sono la via seguita dalla fermentazione e il destino di quanto viene prodotto.

Per quale via fermenta, e quale gas ne esce



Se i Bifidobacterium sono poco rappresentati, la fermentazione del lattosio che raggiunge il colon dipende in misura maggiore da gruppi la cui fermentazione produce anche gas.

La fermentazione bifidogena non produce gas, ma produce lattato: quanto ne resti nel colon dipende da quanti taxa lo consumano, convertendolo soprattutto in butirrato e propionato.

Chi produce lattato e chi lo smaltisce



La produzione supera di poco la conversione.

Bilancio netto del lattato **-0,01** differenza fra le due barre (è il valore riportato sull'asse verticale della mappa presente alla pagina seguente).

Le due barre confrontano il peso dei taxa che producono lattato e di quelli che lo convertono: ogni taxon conta secondo la propria abbondanza e il peso che la letteratura gli attribuisce.

I taxa che convertono il lattato in butirrato e propionato non tengono il passo di quelli che lo producono: in letteratura l'accumulo di lattato nel colon è considerato sfavorevole.

La mappa riunisce le due informazioni: in orizzontale la quota della via che non forma gas, in verticale il bilancio netto appena riportato. Le tre fasce riprendono le soglie della tabella dei metaboliti, le tacche p10, p50 e p90 mostrano come si distribuiscono i campioni di riferimento e l'anello attorno al punto segnala il potenziale di produzione di metano.



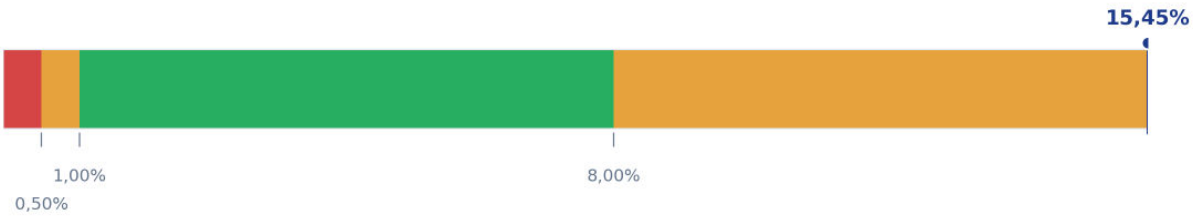
Secondo la letteratura l'esposizione abituale al lattosio sostiene nel colon i gruppi che lo fermentano, mentre l'esclusione prolungata riduce questa capacità e può abbassare la soglia alla quale compaiono i disturbi quando il lattosio viene reintrodotto. Le scelte alimentari sui latticini vanno concordate con il medico o con il nutrizionista di riferimento.

7. Next Generation Bacteria

In questa sezione vengono analizzate specie microbiche di particolare rilevanza, associate dalla letteratura più recente a condizioni di eubiosi, salute metabolica e longevità. Una loro adeguata presenza è stata osservata in profili microbici considerati favorevoli, mentre una ridotta abbondanza è stata associata a diverse condizioni infiammatorie e metaboliche.

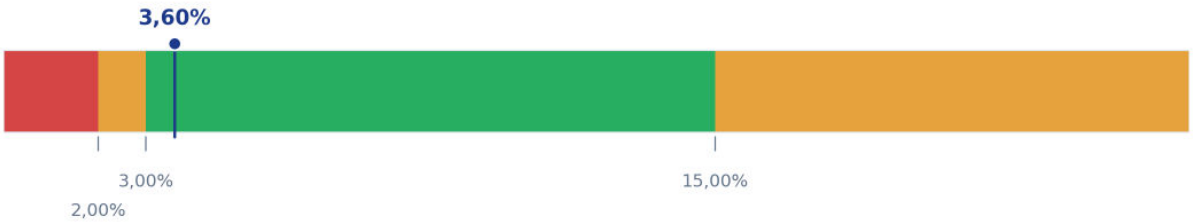
Akkermansia muciniphila

Batterio marker di salute mucosale e metabolica: degrada la mucina favorendo il rinnovo dello strato mucoso e il rafforzamento della barriera intestinale. La proteina Amuc_1100 interagisce con il recettore TLR2 dell'epitelio e contribuisce a rinforzare la barriera intestinale. Bassi livelli sono stati associati da diversi studi osservazionali presenti in letteratura a profili metabolici meno favorevoli e a una maggiore permeabilità intestinale.



Faecalibacterium prausnitzii

È uno dei batteri più studiati del microbiota intestinale, noto per la produzione di butirrato, uno dei principali substrati energetici per le cellule del colon. Produce inoltre metaboliti associati a funzioni immunomodulanti e al mantenimento dell'integrità della barriera intestinale. In letteratura, livelli ridotti sono stati osservati in associazione a quadri di alterata funzionalità intestinale e a profili metabolici meno favorevoli.



Roseburia hominis e Roseburia intestinalis

Batteri delle Lachnospiraceae noti per la produzione di butirrato, con effetti antinfiammatori e di protezione della barriera intestinale. Il butirrato modula, inoltre, la risposta immunitaria attraverso meccanismi epigenetici. La loro riduzione è associata in diversi studi presenti in letteratura a profili metabolici meno favorevoli e a uno stato infiammatorio di basso grado.

Roseburia hominis



Roseburia intestinalis



Christensenella minuta

Batterio delle Christensenellaceae con forte componente ereditabile, associato a longevità, salute metabolica e BMI più basso. Contribuisce alla modulazione delle fermentazioni intestinali producendo soprattutto acetato e idrogeno (con solo modeste quantità di butirrato) e a un profilo meno infiammatorio, favorendo un microbiota diversificato e resiliente. La sua riduzione è associata in letteratura scientifica a un assetto metabolico meno favorevole e a valori più elevati di indice di massa corporea.



8. Consigli in ambito nutrizionale e nutraceutico

In questa sezione vengono forniti consigli su come, se necessario, intervenire per migliorare la composizione del microbiota attraverso cambiamenti nello stile di vita, nell'alimentazione o tramite integrazione, sulla base dei risultati emersi dall'analisi.

I consigli si basano esclusivamente sui risultati del test e non tengono conto di variabili personali come lo stile di vita, l'assunzione di farmaci, l'integrazione già in atto, la familiarità, le condizioni mediche, eventuali allergie, intolleranze o terapie farmacologiche in corso.

Tali indicazioni devono essere considerate come spunti generali e non vanno applicate senza aver consultato il proprio professionista sanitario di riferimento, il quale potrà integrare i risultati del test con la storia clinica della persona, garantendo un approccio completo e personalizzato.

In un referto reale qui si trovano i consigli nutrizionali e nutraceutici.

Consigli per un microbiota in salute

Perché l'alimentazione è il primo strumento

Il microbiota intestinale è un ecosistema dinamico, capace di modificarsi in risposta a numerosi fattori, tra cui alimentazione, attività fisica, stress, farmaci e qualità del sonno. Tra questi, l'alimentazione rappresenta uno dei principali fattori modificabili nel breve termine, perché influenza la disponibilità dei substrati utilizzati dai microrganismi intestinali e, di conseguenza, la loro attività metabolica e le caratteristiche complessive dell'ecosistema microbico.

Più che il singolo alimento, è il pattern alimentare complessivo a esercitare un'influenza rilevante nel tempo. Una dieta varia, equilibrata e basata prevalentemente su alimenti poco processati può contribuire a creare condizioni favorevoli alla funzionalità del microbiota. Al contrario, un'alimentazione monotona e caratterizzata da un consumo frequente di prodotti ultra-processati, zuccheri liberi, farine raffinate e grassi di bassa qualità può determinare una minore varietà dei substrati disponibili per l'ecosistema intestinale.

Un ruolo di particolare interesse è svolto dai polifenoli, presenti in numerosi alimenti vegetali come frutti di bosco, agrumi, cacao, tè, caffè, olio extravergine di oliva, erbe aromatiche e spezie. Questi composti possono essere biotrasformati dal microbiota in metaboliti bioattivi e, al tempo stesso, interagire con differenti popolazioni microbiche, contribuendo alla modulazione dell'ambiente intestinale e di processi biologici coinvolti nella risposta infiammatoria e nello stress ossidativo.

Nel contesto di un'alimentazione complessivamente equilibrata, numerosi componenti della dieta possono contribuire alla modulazione del microbiota intestinale, influenzandone in diversa misura composizione e attività metabolica. Accanto a fattori alimentari e comportamentali generalmente associati a un impatto meno favorevole sull'ecosistema intestinale (si veda a titolo esemplificativo la tabella riportata di seguito), esiste una naturale variabilità individuale nella risposta ai diversi alimenti e nutrienti. Per questo motivo, gli effetti dell'alimentazione sul microbiota devono essere interpretati considerando sia la qualità complessiva della dieta sia le caratteristiche individuali, evitando di attribuire a un singolo alimento un ruolo isolato e determinante. Anche la gradualità rappresenta un principio importante. Il microbiota può rispondere rapidamente alle variazioni della dieta, ma cambiamenti alimentari bruschi possono determinare modificazioni transitorie della funzione intestinale e risultare meno tollerati. Quando si introducono variazioni significative nelle abitudini alimentari, è pertanto preferibile procedere progressivamente, osservando la risposta individuale e modulando nel tempo quantità, frequenza e varietà degli alimenti. La gradualità non rappresenta una concessione, ma una componente razionale di una strategia alimentare orientata alla modulazione del microbiota.

La strategia più efficace non consiste quindi nella ricerca di un singolo alimento "miracoloso", ma nella costruzione di un contesto alimentare e di stile di vita complessivamente favorevole, attraverso scelte coerenti, variate e sostenibili nel tempo. Varietà, gradualità e personalizzazione rappresentano tre principi fondamentali per accompagnare nel tempo l'equilibrio e la resilienza dell'ecosistema intestinale.

Queste indicazioni hanno finalità educative generali. Vanno contestualizzate sulla storia clinica individuale, sui farmaci in uso, sulle eventuali intolleranze e sui dati del profilo microbico riportati nelle sezioni precedenti.

Alimenti e abitudini da limitare o contestualizzare

Da limitare	Motivo e precisazione pratica
Zucchero, dolci confezionati, biscotti, snack industriali, cereali zuccherati	Aumentano carico glicemico e densità energetica; favoriscono iperpalatabilità e consumo eccessivo, sostituendo alimenti ricchi di fibra.
Pane bianco, riso bianco, pasta non integrale in porzioni eccessive, farine raffinate	Matrice povera di fibra e micronutrienti; maggiore impatto glicemico/insulinico rispetto agli equivalenti integrali o ai cereali in chicco.
Bevande zuccherate: cola, aranciata, energy drink, succhi di frutta	Apportano zuccheri liberi rapidamente assorbibili con basso potere saziante; i succhi non equivalgono al frutto intero.
Dolcificanti intensivi e bevande "zero"	Non forniscono zuccheri, ma non devono diventare sostituto stabile dell'acqua. Gli effetti sul microbiota variano per molecola, dose e individuo; prudenza nei consumi frequenti.
Alcolici	Possono alterare la permeabilità intestinale, il metabolismo epatico, il sonno e il tono infiammatorio. La minimizzazione è preferibile, in particolare in presenza di uno squilibrio dell'ecosistema o di obiettivi metabolici.
Carni processate: wurstel, salumi, bacon, insaccati	Contengono sale, nitriti/nitrati e prodotti di trasformazione; l'associazione con profili cardiometabolici e colorettali meno favorevoli è coerente nella letteratura epidemiologica.
Carni rosse ad alta frequenza	Da limitare per l'apporto di grassi saturi, ferro eme e possibili metaboliti microbici pro-ossidativi. Privilegiare fonti proteiche vegetali, pesce e pollame.
Fritti, salse industriali, maionese, soffritti pesanti	Elevata densità energetica; possibili prodotti di ossidazione lipidica; tendenza a sostituire alimenti a maggiore densità nutrizionale.
Alimenti ultra-processati con lunghe liste di additivi, aromi e coloranti	Combinano amidi raffinati, grassi di bassa qualità, sale, zuccheri e additivi; l'esposizione elevata è associata a molteplici outcome sfavorevoli in letteratura.
Dolcificanti "naturali": agave, sciroppi, miele in eccesso	Sono comunque fonti di zuccheri liberi o fruttosio concentrato. La definizione "naturale" non equivale a metabolico-neutro.

Attività fisica e microbiota

Target settimanali orientativi per adulti (secondo l'OMS):

Livello	Indicazione pratica
Ogni giorno	Stile di vita attivo: camminare, usare le scale, muoversi a piedi o in bicicletta, giardinaggio, faccende domestiche. Ridurre i periodi prolungati di sedentarietà con micro-pause attive ogni 30-60 minuti.
3-5 volte a settimana	Attività aerobica: camminata sostenuta, jogging, nuoto, ciclismo, danza, sport di squadra. Obiettivo: 150-300 minuti/settimana di intensità moderata, o 75-150 minuti di intensità vigorosa, o combinazione equivalente.
Almeno 2 volte a settimana	Attività di forza e mobilità: esercizi a corpo libero, pesi, elastici, stretching, core training, equilibrio. Coinvolgere i principali gruppi muscolari.
Il meno possibile	Sedentarietà prolungata: TV, dispositivi digitali, postura seduta continuativa senza pause.

9. Lista delle specie batteriche identificate

In questa sezione è riportato l'elenco completo delle specie batteriche rilevate nel campione analizzato con abbondanza relativa pari o superiore a 0,01 %. Tale soglia è stata adottata al fine di garantire la rappresentatività biologica del dato, escludendo segnali a bassissima frequenza potenzialmente attribuibili a rumore tecnico o a presenza transitoria non clinicamente significativa.

I risultati sono organizzati in quattro colonne:

- **Phylum** — livello tassonomico superiore di appartenenza. I nomi seguono la nomenclatura procariotica aggiornata: Bacillota (già Firmicutes), Bacteroidota (già Bacteroidetes), Actinomycetota (già Actinobacteria), Pseudomonadota (già Proteobacteria), Verrucomicrobiota (già Verrucomicrobia).
- **Taxa (specie)** — denominazione della specie batterica identificata.
- **Abbondanza relativa (%)** — percentuale della specie rispetto al totale delle sequenze batteriche rilevate nel campione.
- **Range di riferimento (%)** — intervallo medio riportato in letteratura per popolazioni sane comparabili, espresso in percentuale.

I range di riferimento derivano da dati aggregati di coorti interne di soggetti analizzati con la stessa metodica, integrati dove disponibile con studi metagenomici e meta-analisi di letteratura. L'uso di una coorte interna è necessario perché i valori di abbondanza dipendono dalla metodica di sequenziamento e non sono direttamente confrontabili fra laboratori. È importante sottolineare che tali valori rappresentano intervalli statistici medi osservazionali e non limiti diagnostici rigidi, poiché il microbiota intestinale è caratterizzato da elevata variabilità interindividuale, influenzata da fattori genetici, ambientali, dietetici e geografici. La nomenclatura tassonomica aggiornata riguarda le sole denominazioni: valori, intervalli di riferimento e criteri di aggregazione restano invariati.

Per facilitare l'interpretazione visiva della tabella, il valore dell'abbondanza relativa è evidenziato mediante un codice cromatico sul testo. Il colore non deriva dal solo confronto numerico con l'intervallo di riferimento, ma tiene conto anche del significato che la letteratura attribuisce alla direzione dello scostamento per quella specifica specie: per alcune specie un'abbondanza elevata è descritta come favorevole, per altre come sfavorevole, per altre ancora non è associata a un significato univoco. Gli esempi seguenti illustrano le quattro possibilità.

Codice cromatico dell'abbondanza relativa

2,45 % — **Arancione —** valore inferiore al limite minimo dell'intervallo di riferimento. Lo stesso colore viene utilizzato, nelle specie in cui un'abbondanza elevata è descritta come favorevole, quando il valore supera in misura molto marcata il limite massimo, e nelle specie abitualmente assenti quando la presenza rilevata è ancora contenuta.

2,45 % — **Verde —** valore coerente con l'intervallo di riferimento. Nelle specie in cui un'abbondanza elevata è descritta come favorevole il verde è mantenuto anche al di sopra del limite massimo, perché in questi casi il valore elevato non rappresenta uno scostamento sfavorevole.

2,45 % — **Rosso —** valore superiore al limite massimo dell'intervallo di riferimento nelle specie in cui un'abbondanza elevata non è descritta come favorevole, oppure presenza consistente di specie abitualmente assenti nel profilo di riferimento.

2,45 % — **Nero —** valore riportato senza attribuzione di colore, con finalità puramente descrittiva. Riguarda le specie per le quali la letteratura disponibile non associa allo scostamento dall'intervallo un significato univoco, i rilievi in tracce di specie abitualmente assenti, a livelli talmente bassi da non essere considerati informativi, e le specie per le quali la colonna Riferimento riporta la sigla n.d., dove il confronto non viene effettuato. Il nero non indica quindi né un valore ottimale né un valore mancante: l'abbondanza relativa è stata misurata in tutti i casi, ciò che può mancare è il termine di paragone.

n.d. — intervallo di riferimento non disponibile per questa specie.

La colorazione ha esclusivamente finalità orientativa e consente un'immediata individuazione degli scostamenti rispetto ai valori medi di letteratura ai quali è oggi possibile attribuire una direzione. L'interpretazione clinico-funzionale deve tuttavia considerare il contesto complessivo del profilo microbico, gli indici e i rapporti, le interazioni tra taxa e il quadro anamnestico individuale.

Elenco delle specie rilevate

Phylum	Taxa	Abbondanza relativa (%)	Riferimento
Verrucomicrobiota	*Akkermansia muciniphila*	**15,45**	1,00% - 8,00%
Bacteroidota	*Alistipes onderdonkii*	**10,39**	0,00% - 3,55%
Bacteroidota	*Phocaeicola vulgatus*	**6,77**	3,00% - 12,00%
Bacillota	*Ruminococcus bicirculans (ex Wegman et al. 2014)*	**5,91**	0,00% - 6,35%
Bacillota	*Blautia wexlerae*	**4,35**	0,50% - 8,00%

Bacillota	*Faecalibacterium prausnitzii*	**3,60**	3,00% - 15,00%
Bacillota	*Agathobacter rectalis*	**2,99**	1,00% - 11,00%
Bacteroidota	*Phocaeicola massiliensis*	**2,62**	0,00% - 4,84%
Bacteroidota	*Alistipes putredinis*	**2,60**	0,10% - 7,50%
Actinomycetota	*Eggerthella lenta*	**2,14**	0,00% - 0,50%
Bacillota	*Anaerostipes hadrus*	**2,13**	0,16% - 3,81%
Bacteroidota	*Bacteroides cellulosilyticus*	**2,03**	0,00% - 3,60%
Bacillota	*Streptococcus thermophilus*	**1,89**	0,00% - 1,30%
Bacteroidota	*Bacteroides thetaiotaomicron*	**1,86**	0,20% - 2,79%
Actinomycetota	*Adlercreutzia equolifaciens*	**1,56**	0,03% - 1,00%
Bacteroidota	*Bacteroides salyersiae*	**1,55**	0,01% - 1,20%
Pseudomonadota	*Sutterella wadsworthensis*	**1,31**	0,14% - 1,77%
Bacteroidota	*Bacteroides uniformis*	**1,28**	1,00% - 10,00%
Bacteroidota	*Parabacteroides merdae*	**1,28**	0,30% - 2,50%
Bacillota	*Lachnospira eligens*	**1,25**	0,10% - 2,50%
Bacillota	*Mediterraneibacter gnavus*	**1,22**	0,00% - 1,00%
Bacillota	*Mediterraneibacter torques*	**1,16**	0,01% - 1,00%
Bacillota	*Dialister invisus*	**0,90**	0,00% - 2,00%
Bacillota	*Flavonifractor plautii*	**0,81**	0,00% - 0,50%
Bacteroidota	*Parabacteroides distasonis*	**0,67**	0,10% - 4,00%
Bacillota	*Fusicatenibacter saccharivorans*	**0,61**	0,50% - 3,00%
Actinomycetota	*Bifidobacterium longum*	**0,48**	0,10% - 4,81%
Bacillota	*Roseburia hominis*	**0,48**	0,37% - 2,00%
Bacillota	*Anaerobutyricum hallii*	**0,40**	0,20% - 2,50%
Actinomycetota	*Collinsella aerofaciens*	**0,40**	0,10% - 3,50%
Bacillota	*Mediterraneibacter lactaris*	**0,38**	0,00% - 1,50%
Bacteroidota	*Odoribacter splanchnicus*	**0,37**	0,10% - 1,30%
Bacillota	*Dorea formicigenerans*	**0,36**	0,04% - 0,44%
Bacillota	*Blautia obeum*	**0,32**	0,22% - 2,78%
Bacillota	*Intestinimonas butyriciproducens*	**0,31**	0,01% - 0,25%
Bacillota	*Dorea longicatena*	**0,30**	0,08% - 2,02%
Bacteroidota	*Alistipes dispar*	**0,28**	0,01% - 0,52%
Bacteroidota	*Butyricimonas virosa*	**0,26**	0,01% - 0,26%
Bacillota	*Roseburia intestinalis*	**0,25**	0,70% - 5,00%
Bacillota	*Ruthenibacterium lactatiformans*	**0,24**	0,05% - 1,54%
Bacillota	*Faecalibacterium sp. HTF-F*	**0,22**	0,03% - 1,21%

Bacteroidota	*Alistipes ihumii*	**0,20**	0,02% - 0,46%
Bacillota	*Coprococcus catus*	**0,20**	0,01% - 0,60%
Bacillota	*Lawsonibacter asaccharolyticus*	**0,19**	0,03% - 0,56%
Pseudomonadota	*Escherichia coli*	**0,18**	0,00% - 0,50%
Bacillota	*Simiaoa sunii*	**0,17**	0,04% - 2,25%
Bacillota	*Coprococcus comes*	**0,15**	0,02% - 1,20%
Bacteroidota	*Alistipes senegalensis*	**0,14**	0,00% - 0,60%
Pseudomonadota	*Providencia rettgeri*	**0,14**	0,00% - 1,00%
Bacillota	*Subdoligranulum variabile*	**0,13**	0,01% - 0,10%
Bacillota	*Coprobacillus cateniformis*	**0,11**	0,10% - 3,00%
Bacillota	*Faecalibacterium sp. I4-3-84*	**0,11**	0,08% - 0,65%
Bacteroidota	*Alistipes shahii*	**0,11**	0,00% - 3,00%
Bacillota	*Blautia hydrogenotrophica*	**0,11**	0,01% - 0,30%
Bacillota	*Holdemania massiliensis*	**0,10**	0,10% - 3,00%
Bacillota	*Blautia luti*	**0,10**	0,03% - 0,30%
Actinomycetota	*Adlercreutzia hattorii*	**0,10**	0,00% - 0,50%
Bacillota	*Pusillibacter faecalis*	**0,09**	0,02% - 0,19%
Bacillota	*Blautia parvula*	**0,09**	0,00% - 0,20%
Bacillota	*Faecalibacterium sp. IP-3-29*	**0,09**	0,02% - 0,35%
Bacillota	*Faecalibacterium sp. I2-3-92*	**0,09**	0,05% - 0,56%
Altro	*Flintibacter sp. KGMB00164*	**0,08**	0,01% - 0,41%
Bacillota	*Lachnoclostridium phocaeense*	**0,08**	0,03% - 0,20%
Bacteroidota	*Bacteroides fragilis*	**0,08**	0,50% - 3,00%
Bacillota	*Faecalibacillus intestinalis*	**0,07**	0,03% - 0,85%
Pseudomonadota	*Enterobacter ludwigii*	**0,07**	0,00% - 0,50%
Bacillota	*Faecalibacterium duncaniae*	**0,06**	0,04% - 0,43%
Bacillota	*Enterocloster asparagiformis*	**0,06**	0,01% - 0,11%
Bacillota	*Anaerotruncus colihominis*	**0,06**	0,01% - 0,09%
Altro	*Ruminococcus sp. SR1/5*	**0,06**	0,01% - 0,20%
Bacteroidota	*Prevotella bivia*	**0,05**	0,00% - 0,01%
Bacillota	*Enterocloster bolteae*	**0,05**	0,00% - 0,50%
Bacteroidota	*Phocaeicola dorei*	**0,05**	3,00% - 12,00%
Bacteroidota	*Bacteroides ovatus*	**0,05**	0,04% - 1,20%
Bacteroidota	*Alistipes communis*	**0,05**	0,06% - 1,50%
Bacteroidota	*Phocaeicola sartorii*	**0,05**	0,01% - 0,08%
Actinomycetota	*Gordonibacter pamelaeae*	**0,04**	0,10% - 5,00%
Bacteroidota	*Bacteroides finegoldii*	**0,04**	0,02% - 0,70%

Bacteroidota	*Bacteroides xylanisolvens*	**0,04**	0,03% - 1,30%
Bacteroidota	*Alistipes finegoldii*	**0,04**	0,02% - 1,70%
Bacillota	*Streptococcus parasanguinis*	**0,04**	0,00% - 0,50%
Bacillota	*Pseudoflavonifractor capillosus*	**0,04**	0,01% - 0,11%
Bacillota	*Faecalibacterium sp. I4-1-79*	**0,04**	0,03% - 0,39%
Bacillota	*Clostridium sp. M62/1*	**0,04**	0,01% - 0,10%
Bacillota	*Clostridium sp. C1*	**0,03**	0,01% - 0,09%
Bacillota	*Streptococcus salivarius*	**0,03**	0,00% - 1,00%
Bacillota	*Hungatella hathewayi*	**0,03**	0,00% - 0,30%
Bacillota	*Lactococcus cremoris*	**0,03**	0,00% - 0,50%
Bacillota	*Wansuia hejianensis*	**0,03**	0,01% - 0,06%
Bacillota	*Thomasclavelia ramosa*	**0,03**	0,00% - 0,30%
Bacillota	*Intestinibacillus sp. NTUH-41-i26*	**0,02**	0,01% - 0,04%
Actinomycetota	*Schaalia odontolytica*	**0,02**	0,00% - 0,04%
Bacillota	*Faecalibacterium sp. I3-3-89*	**0,02**	0,03% - 1,37%
Bacillota	*Faecalibacterium sp. I3-3-33*	**0,02**	0,01% - 0,11%
Bacillota	*Clostridioides difficile*	**0,02**	0,00% - 0,05%
Bacillota	*Solibaculum mannosilyticum*	**0,02**	0,01% - 0,03%
Bacillota	*Clostridium scindens*	**0,02**	0,01% - 0,60%
Bacillota	*Streptococcus oralis*	**0,02**	0,00% - 0,50%
Bacteroidota	*Segatella copri*	**0,02**	0,00% - 34,58%
Bacillota	*Enterocloster clostridioformis*	**0,02**	0,00% - 0,20%
Bacillota	*Faecalibacterium sp. IP-1-18*	**0,02**	0,01% - 0,14%
Bacillota	*Roseburia inulinivorans*	**0,02**	0,05% - 2,00%
Bacillota	*Oscillibacter sp. PEA192*	**0,02**	0,02% - 0,07%
Altro	*Blautia sp. SC05B48*	**0,02**	0,01% - 0,10%
Bacillota	*Lactococcus lactis*	**0,02**	0,01% - 0,82%
Bacillota	*Streptococcus vestibularis*	**0,02**	0,00% - 0,50%
Bacillota	*Ruminococcus albus*	**0,01**	0,00% - 0,04%
Bacillota	*Ruminococcus flavefaciens*	**0,01**	0,01% - 0,03%
Bacteroidota	*Butyricimonas faecalis*	**0,01**	0,00% - 0,38%
Bacillota	*Marvinbryantia formatexigens*	**0,01**	0,00% - 0,09%
Bacillota	*Butyrivibrio crossotus*	**0,01**	0,01% - 0,08%
Bacillota	*Clostridium hylemonae*	**0,01**	0,01% - 0,01%
Bacteroidota	*Bacteroides faecis*	**0,01**	0,00% - 2,50%

Bacteroidota	*Butyricimonas paravirosa*	**0,01**	0,02% - 0,32%
Bacillota	*Roseburia rectibacter*	**0,01**	0,00% - 0,07%
Bacillota	*Blautia hansenii*	**0,01**	0,01% - 0,19%
Pseudomonadota	*Haemophilus parainfluenzae*	**0,01**	0,00% - 0,50%
Bacteroidota	*Bacteroides timonensis*	**0,01**	0,01% - 0,08%
Bacillota	*Veillonella parvula*	**0,01**	0,00% - 0,05%
Bacteroidota	*Bacteroides rodentium*	**0,01**	0,01% - 0,18%
Bacteroidota	*Bacteroides intestinalis*	**0,01**	0,00% - 1,73%
Bacillota	*Clostridium innocuum*	**0,01**	0,00% - 2,00%
Bacillota	*Streptococcus ilei*	**0,01**	0,00% - 0,50%
Bacillota	*Dielma fastidiosa*	**0,01**	0,10% - 3,00%
Bacillota	*Finegoldia magna*	**0,01**	0,01% - 0,01%
Bacillota	*Streptococcus suis*	**0,01**	0,00% - 0,10%
Actinomycetota	*Eggerthella guodeyinii*	**0,01**	0,00% - 0,30%
Bacillota	*Streptococcus anginosus*	**0,01**	0,00% - 0,50%
Actinomycetota	*Gordonibacter urolithinfaciens*	**0,01**	0,10% - 5,00%
Actinomycetota	*Bifidobacterium breve*	**0,01**	0,01% - 0,10%
Actinomycetota	*Bifidobacterium animalis*	**0,01**	0,01% - 0,36%
Actinomycetota	*Rothia mucilaginosa*	**0,01**	0,00% - 0,05%
Bacillota	*Eubacterium ramulus*	**0,01**	0,01% - 0,50%
Bacillota	*Eubacterium ventriosum*	**0,01**	0,01% - 0,70%
Bacillota	*Eubacterium maltosivorans*	**0,01**	0,01% - 0,04%
Bacillota	*Massilistercora timonensis*	**0,01**	0,01% - 0,17%
Bacillota	*Dysosmobacter welbionis*	**0,01**	0,03% - 0,20%
Bacillota	*Vescimonas coprocola*	**0,01**	0,02% - 0,76%
Bacillota	*Veillonella rogosae*	**0,01**	0,00% - 0,06%
Bacillota	*Oscillibacter hominis*	**0,01**	0,01% - 0,09%
Altro	*Bacteroides sp. MSB163*	**0,01**	0,02% - 0,09%
Bacteroidota	*Bacteroides clarus*	**0,01**	0,00% - 1,84%
Altro	*Treponema peruense*	**0,01**	0,01% - 0,02%

Elenco completo delle specie analizzate

In un referto reale, nella pagina seguente si trova il QR Code con la lista completa delle specie microbiche analizzate.

QR Code presente nel referto reale

Note legali

Finalità del test

Il test non ha finalità diagnostica: le associazioni riportate non costituiscono indicazioni cliniche, diagnosi mediche o predisposizioni di rischio patologico, ma derivano da studi scientifici e statistiche di popolazione. In presenza di sintomi o dubbi riguardanti la propria salute, si raccomanda di consultare il proprio medico curante o un professionista sanitario abilitato. Il test fornisce uno strumento di supporto e personalizzazione, ma non ha valore clinico né sostitutivo del giudizio medico.

Ruoli e responsabilità

Il presente report è emesso dal Centro del Microbiota in collaborazione con il nostro laboratorio. L'elaborazione dei dati, la loro interpretazione scientifica e la redazione del report sono effettuate dal laboratorio tramite un biologo iscritto all'Ordine Nazionale dei Biologi, che ne assume la responsabilità scientifica. Il Centro del Microbiota cura il rapporto con il cliente e la consegna del report.

Autore e responsabilità scientifica

Il report è redatto, per conto del laboratorio, da un biologo iscritto all'Ordine Nazionale dei Biologi, esperto in genetica, nutrizione, microbiologia e scienze omiche. L'autore non esercita attività medica, ma fornisce un'interpretazione scientifica dei dati sulla base della letteratura più autorevole.

Ambito non prescrittivo

Il presente documento non costituisce in alcun modo una prescrizione medica, nutrizionale o farmacologica. Eventuali suggerimenti relativi a integratori, alimenti o farmaci sono da intendersi come indicazioni generali basate sulla letteratura scientifica e devono essere sempre discussi con un medico o nutrizionista abilitato prima di essere messi in pratica. I dosaggi eventualmente indicati derivano da fonti scientifiche e sono tipicamente utilizzati in soggetti con profili simili, ma devono essere adattati caso per caso in base all'età, agli esami clinici e alla valutazione del medico o nutrizionista abilitato. Allo stesso modo, gli alimenti consigliati si basano su evidenze scientifiche relative alla popolazione generale e vengono adattati ai risultati individuali. Questi suggerimenti non sostituiscono una visita nutrizionale personalizzata. Anche le indicazioni relative agli alimenti da limitare derivano dalla letteratura scientifica e dall'interpretazione del profilo microbico rilevato. Ogni cambiamento nello stile di vita, nell'alimentazione o nell'uso di integratori deve essere valutato con il proprio medico curante o nutrizionista abilitato.

Laboratorio di analisi

Il test è eseguito da un laboratorio italiano, riconosciuto a livello internazionale, dotato delle migliori certificazioni di qualità previste per l'analisi di campioni biologici. L'analisi viene effettuata mediante metodica metagenomica Shotgun.

Elaborazione automatizzata dei dati

L'analisi richiede strumenti avanzati di elaborazione, inclusi software basati su intelligenza artificiale, utilizzati per facilitare l'interpretazione dei dati e l'individuazione delle correlazioni note in letteratura. Pur con il massimo rigore, non si possono escludere errori o imprecisioni legati ai limiti tecnologici o all'evoluzione della letteratura scientifica.

Limiti del test

- Il test non è predittivo: descrive la composizione del microbiota in un dato momento e le associazioni riportate in letteratura, che non implicano l'insorgenza certa di alcuna condizione.
- Il test non è diagnostico: non sostituisce esami clinici, diagnosi ufficiali o consulenze mediche.
- Il microbioma è influenzato da fattori esterni (come ambiente, dieta, stile di vita).
- Le interpretazioni possono cambiare con l'avanzamento della ricerca scientifica; pertanto, alcune interpretazioni potrebbero variare con il progredire degli studi.

Privacy e gestione dei dati

In un referto reale qui si trova il titolare del trattamento dei dati. I dati metagenomici e personali sono trattati in conformità al GDPR e alle normative vigenti in materia di privacy. I dati sono pseudonimizzati e non vengono condivisi con terzi senza consenso esplicito, salvo obblighi di legge. Il cliente può richiederne in qualsiasi momento accesso, modifica o cancellazione.

Nota metodologica sulla soglia di rilevabilità e sull'interpretazione dei valori nulli

Le specie riportate sono quelle con abbondanza relativa pari o superiore alla soglia di refertazione dello 0,01 %. Un valore pari a 0 % indica un'abbondanza inferiore a tale soglia e non un'assenza biologica assoluta: alcuni microrganismi possono essere presenti a livelli più bassi, non riportati in questa sezione. I consigli nutrizionali e di integrazione mirano alla modulazione selettiva del microbiota tramite substrati fermentabili e composti bioattivi, favorendo il recupero dei taxa rilevanti per l'equilibrio dell'ecosistema.

Avvertenze generali

I contenuti del report non devono mai essere utilizzati per autodiagnosi, automedicazione o per apportare modifiche alla propria terapia o allo stile di vita senza il parere di un medico. Tutte le informazioni fornite hanno valore integrativo e non sostitutivo della valutazione clinica medica e nutrizionale, e non devono essere utilizzate come sostituti per diagnosi ufficiali, né per la definizione di trattamenti clinici specifici. I risultati devono essere letti e interpretati con il supporto di un medico curante che possa contestualizzare adeguatamente i dati, in base alla storia clinica e alle necessità del cliente. Il biologo che firma il presente report non si assume alcuna responsabilità per le conseguenze derivanti dall'uso improprio o dall'interpretazione errata dei risultati, né per decisioni mediche o nutrizionali intraprese senza una consulenza adeguata con professionisti del settore. Si declina ogni responsabilità per eventuali deviazioni dal testo originale e si rimanda, in caso di dubbio, alla letteratura scientifica di riferimento (la bibliografia è consultabile nella sezione seguente).

Contatti

Per dubbi, segnalazioni o richieste di chiarimento è possibile contattare il Centro del Microbiota (info@centrodelmicrobiota.it), che mette in contatto con il biologo che ha firmato il report.

Bibliografia

Le interpretazioni e le correlazioni scientifiche riportate nel presente report si fondano su una selezione accurata di pubblicazioni scientifiche peer-reviewed, meta-analisi e linee guida internazionali aggiornate nel campo del microbioma intestinale, della nutrizione e delle scienze omiche.

In un referto reale qui si trova il QR Code con l'elenco completo dei riferimenti bibliografici.

Il presente Report è stato firmato digitalmente da

Dott. Nome Cognome

Albo dei Biologi _____