

**ESEMPIO**

Codice analisi:	Cognome e nome:	Data di nascita:	Sesso:	Analisi richiesta: <b>MICROBALANCE GUT</b>
-----------------	-----------------	------------------	--------	---

Tipologia campione biologico: <b>Feci</b>	Raccolta campione:	Ricevimento campione:	Data report: <b>20/05/2021</b>
--	--------------------	-----------------------	-----------------------------------

**Microbalance Gut**

Microbalance Gut è un test che si basa sull'analisi del microbioma intestinale di un individuo con lo scopo di identificare le specie batteriche presenti (microbiota), evidenziare eventuali disequilibri e correggerli attraverso lo stile di vita e, se necessario, l'assunzione di integratori alimentari specifici. Il test prevede l'analisi in parallelo tramite sequenziamento di nuova generazione di 7 regioni ipervariabili (V2, V3, V4, V6, V7, V8, V9) del gene batterico che codifica la subunità 16S dell'RNA ribosomiale.

La composizione del microbiota di un individuo è unica e alcuni profili sono stati associati a condizioni di salute migliori. Un microbiota sano è caratterizzato da un'elevata variabilità di batteri e dalla stabilità nel tempo. L'analisi del microbioma batterico può aiutare a promuovere un buono stato di salute e prevenire o affrontare patologie intestinali (per esempio diarrea ricorrente o colite) o sistemiche (obesità, sindrome metabolica etc.).

**COME FUNZIONA?**

Il risultato non ha valenza diagnostica ma rappresenta una fotografia della componente batterica del microbiota intestinale al momento del campionamento. In base all'identificazione dei principali Phyla e generi residenti viene identificato l'enterotipo di appartenenza del soggetto. Ogni enterotipo è correlato ad una alimentazione prevalente e rappresenta una indicazione della composizione di riferimento per il microbiota in analisi.

I valori trovati vengono confrontati con migliaia di microbiomi di soggetti sani e in questo modo è possibile valutare se particolari generi batterici siano in eccesso o in difetto rispetto alla media del database di controllo in modo da identificare e caratterizzare situazioni di disbiosi.

Il risultato viene completato da una sintesi delle informazioni ottenute e da una serie di consigli alimentari e raccomandazioni di probiotici e integratori alimentari da poter supplementare alla dieta. Tali indicazioni vanno valutate con un professionista qualificato, in base alla valutazione anamnestica complessiva del soggetto.



## Informazioni generali

I box evidenziati con il colore **verde** rappresentano un valore ottimale del microbioma, mentre i box in **rosso** mostrano un valore che si discosta sensibilmente da quello ottimale.

Similarità



**Alto**



 **85.49%**

La similarità mostra quanto il Microbioma analizzato sia simile a quello delle persone in buono stato di salute.

Diversità



**Nella media**



 **2.32**     **2.48**

Un microbiota sano è ricco di specie diverse. Un'alta diversità è indice di buona salute del microbiota. Questo valore mostra la diversità dei batteri presenti nell'intestino al momento del campionamento.

Gram+/Gram-

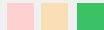


**Nella media**



 **0.72**     **1.41**

Gram-positivo e gram-negativo sono gruppi di batteri che si distinguono per la composizione e la struttura della parete cellulare e della membrana. Le differenze tra i batteri gram+ e gram- si trovano nel loro involucro cellulare.

Aerobici/  
Anaerobici



**Nella media**

 **0.00**     **0.00**

I batteri aerobici, a differenza degli anaerobici, dipendono dall'ossigeno per sopravvivere. Esistono due tipi di batteri anaerobi: gli anaerobi obbligati, che non possono crescere in presenza di ossigeno, e gli anaerobi facoltativi, che possono crescere sia in presenza che in assenza di ossigeno.

Enterotipo

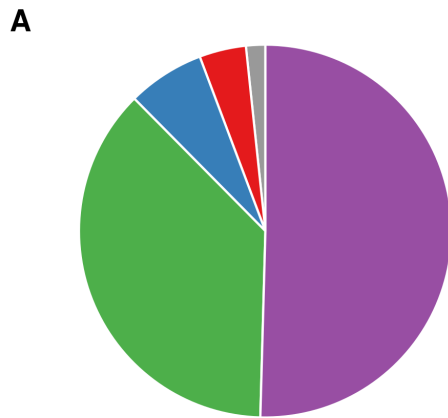
**Bacteroides**

Esistono tre diversi enterotipi di microbiota intestinale. I tre enterotipi contengono specie diverse di batteri con un diverso impatto sull'intestino. Ogni enterotipo è caratterizzato dalla prevalenza di batteri appartenenti ad uno specifico genere.

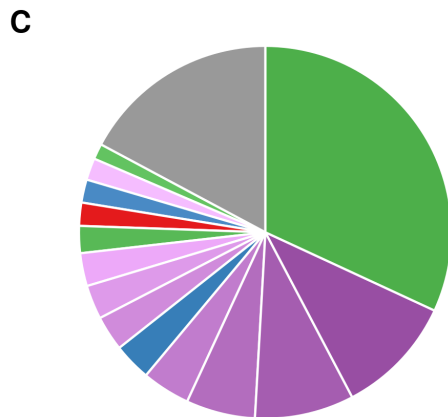
Firmicutes/Bacteroidetes

**1.36**

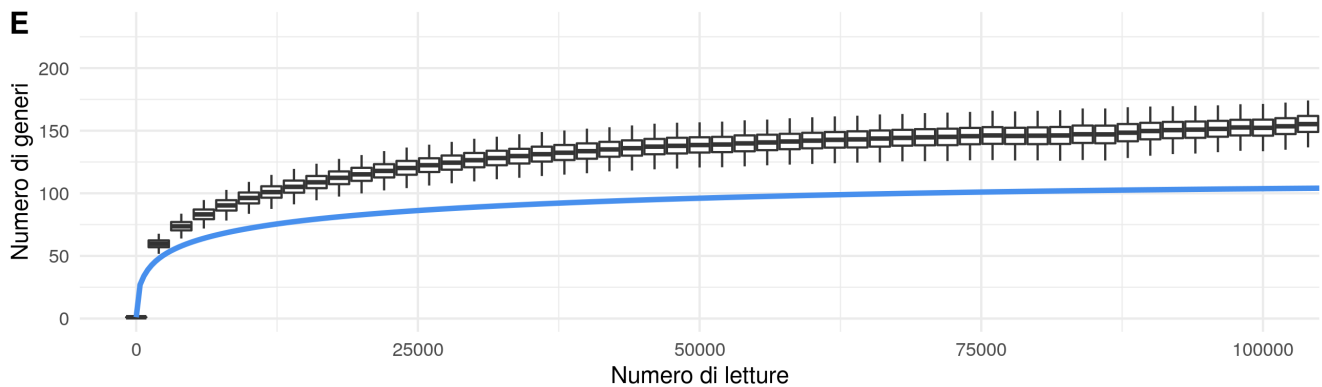
Firmicutes e Bacteroidetes sono due phyla dominanti nel microbiota fecale, che rappresentano fino al 90% del totale delle specie batteriche. Si ritiene che il rapporto Firmicutes e Bacteroidetes (rapporto F/B) sia altamente correlato con alcune malattie, come l'obesità e il diabete.



	Valore rilevato	Valore di riferimento	
Firmicutes	50.43	42.52 - 64.36	□
Bacteroidetes	37.15	25.93 - 48.34	□
Proteobacteria	6.69	1.01 - 9.84	□
Actinobacteria	4.05	0.54 - 5.97	□
Restanti taxa (<0.6%)	1.68	NA - NA	■



	Valore rilevato	Valore di riferimento	
Bacteroides	31.9	14.59 - 34.32	□
Eubacterium	10.39	1.26 - 3.84	▲
Clostridiales(o)	8.61	4.09 - 8.44	▲
Faecalibacterium	6	5.68 - 15.26	□
Roseburia	4.18	2.14 - 7.89	□
Sutterella	3.28	0.02 - 0.85	▲
Ruminococcus	3.04	1.3 - 4.91	□
Lachnospiraceae(f)	2.95	0.74 - 2.27	▲
Anaerostipes	2.86	0.24 - 1.56	▲
Alistipes	2.35	0.74 - 3.77	□
Collinsella	2.01	0 - 0.34	▲
Bilophila	2	0.04 - 0.47	▲
Butyricoccus	1.9	0.11 - 0.67	▲
Parabacteroides	1.36	0.86 - 3.72	□
Restanti taxa (<1.3%)	17.18	NA - NA	■



**Composizione del microbioma (generi).** Composizione del microbioma (generi e phyla). I grafici a torta illustrano la classificazione tassonomica del campione a livello di phylum (A) e a livello di genere (C). I grafici e la legenda (B-C) indicano i valori rilevati, in ordine decrescente: dai batteri più presenti ai meno presenti. Nella legenda, inoltre, sono riportati gli intervalli di riferimento della popolazione sana e un simbolo ( ▲▼■ ) che indica se ciascun valore rilevato è compreso o meno nel relativo intervallo. (E) In questa curva di rarefazione è possibile vedere il numero di generi (asse Y) in funzione del numero di letture di sequenziamento (asse X). Il campione analizzato (linea blu) è comparato alla nostra popolazione di riferimento sana (linea nera). Per maggior precisione nella popolazione di riferimento è possibile osservare ibox-plot che rappresentano percentili 2,5% e 97,5% della distribuzione campionaria della media della popolazione. L'altezza della curva di rarefazione (linea blu) è direttamente proporzionale alla quantità di gruppi batterici presenti nel campione analizzato.



## Informazioni alimentari

### BATTERI CHE DEGRADANO IL GLUTINE

Il glutine è una proteina introdotta con l'alimentazione le cui caratteristiche la rendono difficile da metabolizzare. Diversi studi dimostrano che esistono varie tipologie di batteri che sono in grado di contribuire alla digestione del glutine.

Valore rilevato

0.05%

Valore di riferimento

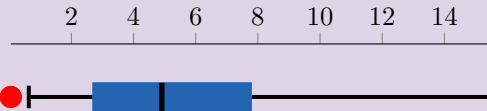
0.63%-15.66%

È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri che digeriscono il glutine. Poiché il glutine è una proteina difficile da digerire, una bassa abbondanza di questi batteri potrebbe incrementare il rischio di sviluppare intolleranza al glutine o malattie autoimmuni in persone geneticamente predisposte a sviluppare il morbo celiaco.

Generi identificati nel tuo microbioma

Lactobacillus (0.043%)

Percentuale (%)



### BATTERI CHE DIGERISCONO IL LATTOSIO

Il lattosio è uno zucchero comune presente nei prodotti lattiero-caseari. È stato dimostrato che l'intolleranza a questo zucchero ha basi genetiche. Nonostante ciò, esistono alcuni microorganismi dell'intestino capaci di degradarlo e di ridurre i sintomi legati alla sua cattiva digestione.

Valore rilevato

10.22%

Valore di riferimento

9.89%-23.86%

È stata riscontrata un'abbondanza di batteri che digeriscono il lattosio nella media rispetto alla popolazione di riferimento.

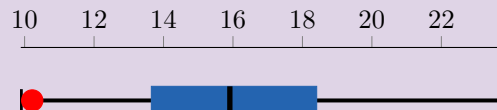
Generi identificati nel tuo microbioma

Faecalibacterium (5.998%)

Lactobacillus (0.043%)

Roseburia (4.177%)

Percentuale (%)



**Informazioni alimentari**

### BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA K

Le vitamine sono molecole importanti per la crescita e lo sviluppo del corpo umano. Nel caso della vitamina K ne esistono 2 forme attive: la vitamina K1 e la vitamina K2. La vitamina K1 è abbondante in alcuni ortaggi, mentre la vitamina K2 ha origine da alcuni microorganismi ed è presente in alimenti fermentati. La vitamina K gioca un ruolo benefico nella salute delle ossa e dei tessuti, oltre ad avere un ruolo importante nella coagulazione del sangue. Avere un'alta abbondanza di microorganismi produttori di vitamina K rispetto alla popolazione di riferimento è un parametro associato ad un buono stato di salute.

**Valore rilevato**
**0.03%**
**Valore di riferimento**
**0.38%-15.57%**

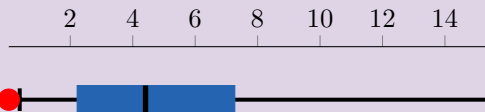
È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina K.

**Generi identificati nel tuo microbioma**

Desulfovibrio (0.017%)

Veillonella (0.012%)

Percentuale (%)



### BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B9

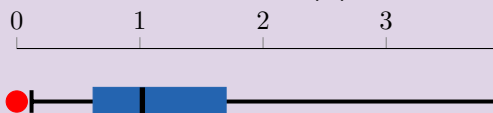
La vitamina B9 -chiamata anche folato o acido folico- è una vitamina solubile in acqua e presente in abbondanza in alimenti di origine vegetale. Deve infatti il suo nome alla parola latina 'folium', ovvero 'foglia' come fonte primaria per la sua assunzione. Avere un'alta abbondanza di microorganismi produttori di folato rispetto alla popolazione di riferimento è un parametro associato ad un buono stato di salute.

**Valore rilevato**
**0.00%**
**Valore di riferimento**
**0.12%-3.94%**

È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri che producono vitamina B9. Una carenza di folato, prodotto principalmente dal processo di fermentazione di diversi batteri probiotici, potrebbe causare anemia.

**Generi identificati nel tuo microbioma**

Percentuale (%)



## CONSUMO DI ALCOL

Uno degli effetti negativi legati al consumo di bevande alcoliche è l'aumento della permeabilità della barriera intestinale, che provoca un' infiammazione locale e sistemica. Il metabolismo dell'alcol avviene principalmente a livello epatico. Tuttavia alcuni batteri hanno un ruolo importante sia nella produzione di acetaldeide, a partire dall'alcol, sia nella degradazione ed eliminazione dal nostro organismo di questo composto. Un bilanciamento tra queste due classi di batteri ha generalmente un effetto positivo sullo stato di salute complessivo.

### Batteri produttori di acetaldeide

**Valore rilevato**

5.05%

**Valore di riferimento**

3.10%-17.56%

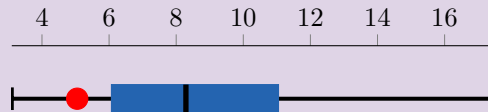
É stata riscontrata un'abbondanza di batteri che producono l'acetaldeide nella media rispetto alla popolazione di riferimento.

#### Generi identificati nel tuo microbioma

Collinsella (2.008%)

Ruminococcus (3.042%)

Percentuale (%)



### Batteri che degradano l'acetaldeide

**Valore rilevato**

33.45%

**Valore di riferimento**

17.12%-37.62%

É stata riscontrata un'abbondanza di batteri che degradano l'acetaldeide nella media rispetto alla popolazione di riferimento.

#### Generi identificati nel tuo microbioma

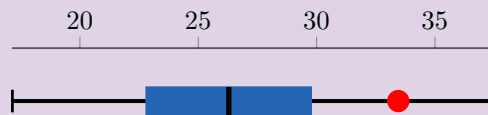
Bacteroides (31.898%)

Lactobacillus (0.043%)

Parabacteroides (1.356%)

Streptococcus (0.156%)



Percentuale (%)

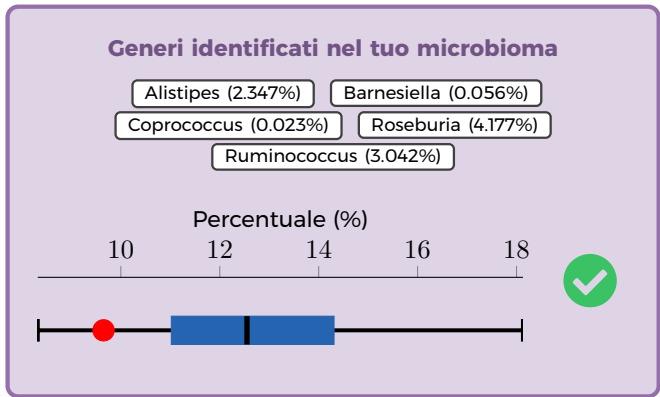


 **Stato ponderale**

**BATTERI ASSOCIATI AL MANTENIMENTO DEL PESO**

I batteri intestinali possono influenzare la tendenza di un soggetto ad essere in sovrappeso o normopeso. Esistono, infatti, alcuni batteri associati al corretto mantenimento del peso. Di solito, un arricchimento di questi batteri pari o superiore alla media della popolazione è benefico per la nostra salute.

Valore rilevato	Valore di riferimento
 <b>9.65%</b>	 <b>8.32%-18.13%</b>
<p>É stata riscontrata un'abbondanza di batteri associati al mantenimento del peso nella media rispetto alla popolazione di riferimento.</p>	





## Stato di salute

### PERMEABILITÀ INTESTINALE

L'intestino è la più grande interfaccia tra il nostro corpo e l'ambiente. Questa interfaccia è data dalla barriera intestinale che è essenziale per mantenere uno stato di salute sano. Questa barriera ha una costituzione mucosa e la sua alterazione disturba la permeabilità intestinale. Un'abbondanza complessiva dei batteri mucolitici uguale o inferiore alla popolazione di riferimento ha generalmente un effetto positivo sullo stato di benessere dell'individuo.

#### Valore rilevato

👤 36.37%

#### Valore di riferimento

👤 28.48%-47.08%

É stata riscontrata un'abbondanza di batteri mucolitici nella media rispetto alla popolazione di riferimento.

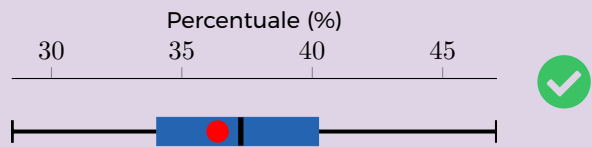
#### Generi identificati nel tuo microbioma

Bacteroides (31.898%)

Clostridium (1.275%)

Ruminococcus (3.042%)

Streptococcus (0.156%)



### PRODUTTORI DI LIPOPOLISACCARIDI (LPS)

I lipopolisaccaridi (LPS) sono molecole che si trovano comunemente nella membrana esterna dei batteri gram-negativi e sono correlati ad infiammazione intestinale. Un'abbondanza complessiva inferiore rispetto alla popolazione di riferimento è generalmente benefica.

#### Valore rilevato

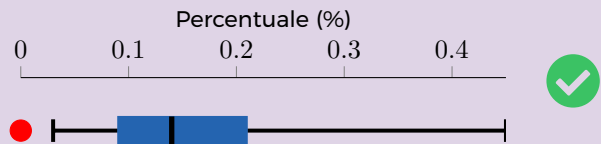
👤 0.00%

#### Valore di riferimento

👤 0.03%-0.45%

É stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di lipopolisaccaridi. Questi composti sono endotossine che potrebbero causare endotossiemia metabolica. Una bassa abbondanza di questi batteri può essere utile.

#### Generi identificati nel tuo microbioma





## PRODUTTORI DI IDROGENO SOLFORATO

L'idrogeno solforato è prodotto dai batteri che vivono nel nostro intestino e dalle cellule epiteliali. Questa sostanza ha un effetto regolatore benefico sul sistema cardio-circolatorio. Seguire una dieta ricca di solfati (ad es. cavolo, cipolla e funghi) permette di aumentare la quantità di idrogeno solforato prodotta dai batteri che metabolizzano questi composti. Un'abbondanza complessiva uguale o superiore rispetto alla popolazione di riferimento è generalmente benefica.

### Valore rilevato

0.02%

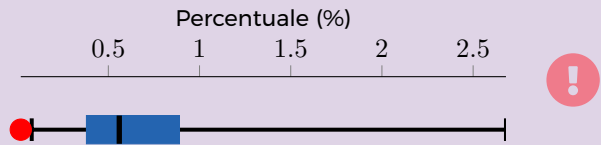
### Valore di riferimento

0.08%-2.68%

È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di idrogeno solforato. Bassi livelli di solfobatteri possono portare alla produzione di scarse quantità di idrogeno solforato. Questo composto ha effetti positivi sull'interazione batterio-epitelio velocizzando la riparazione della mucosa intestinale. Ha inoltre effetto cardioprotettivo.

### Generi identificati nel tuo microbioma

Desulfovibrio (0.017%)



## PRODUTTORI DI ACIDI GRASSI A CATENA CORTA (SCFA)

### Produttori di butirrato

Il butirrato è la principale fonte di energia per le cellule del colon e aiuta a mantenere uno stato di ipossia nell'intestino. In questo senso, il butirrato è essenziale per mantenere lo stato sano del microbiota agendo sui batteri anaerobi obbligati.

### Valore rilevato

12.51%

### Valore di riferimento

4.71%-10.20%

È stata riscontrata un'elevata abbondanza di batteri che producono butirrato. Un'alta quantità di butirrato può essere utile poiché il butirrato ha un effetto protettivo contro l'obesità, l'insulino-resistenza e gli eventi tumorigenici.

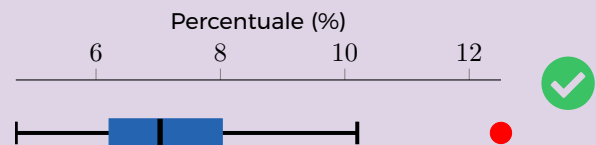
### Generi identificati nel tuo microbioma

Butyrivibrio (0.017%)

Clostridium (1.275%)

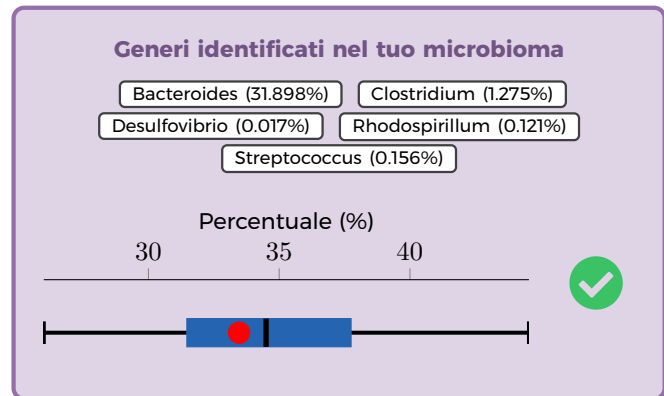
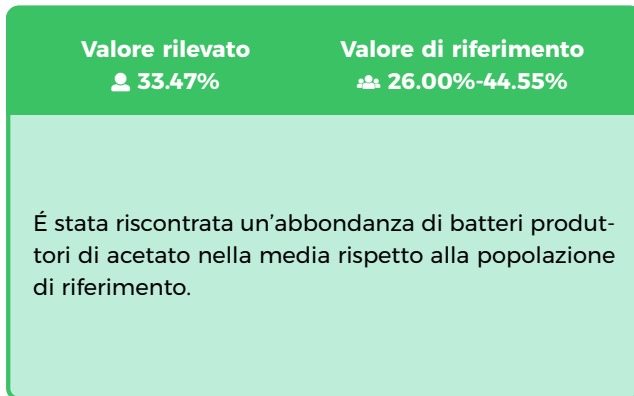
Eubacterium (10.387%)

Lachnoclostridium (0.832%)



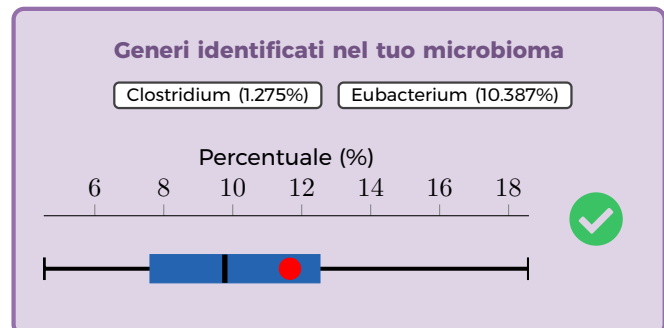
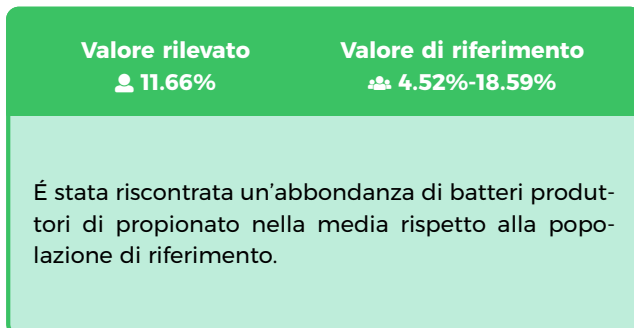
## Produttori di acetato

L'acetato è in parte consumato da alcuni batteri luminali, che a loro volta ne convertono parte in butirrato. Tuttavia, la maggior parte dell'acetato sfugge ai batteri luminali e raggiunge i tessuti periferici che usano l'acetato per il loro metabolismo.



## Produttori di propionato

Il propionato è coinvolto nella regolazione dei livelli di gluconeogenesi, lipogenesi e colesterolo.



## PROBIOTICI

I probiotici sono quei microrganismi viventi (*ad es. Batteri*) che, quando somministrati, hanno un effetto benefico sullo stato di salute. I probiotici agiscono a livello del tratto digestivo stabilizzando la composizione della flora batterica, aumentando la resistenza dell'organismo ai patogeni e migliorando e attivando le difese. I probiotici producono vitamine, enzimi digestivi e sostanze che aiutano a combattere alcuni batteri potenzialmente patogeni.

### Valore rilevato

0.04%

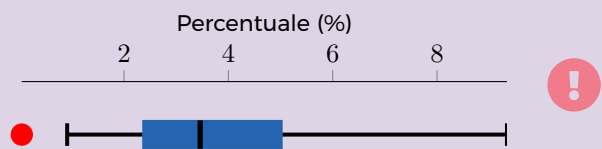
### Valore di riferimento

0.91%-9.34%

È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri probiotici. I batteri probiotici, quando somministrati nelle corrette dosi, conferiscono benefici in termini di salute generale. *Lactobacillus*, *Lactococcus* e *Bifidobacterium* sono i generi che contengono più batteri probiotici.

### Generi identificati nel tuo microbioma

Lactobacillus (0.043%)



**Akkermansia**  
**Non rilevato**

*Akkermansia* è un genere di batteri che contiene la specie *Akkermansia muciniphila*, batteri gram-negativi e anaerobici. Questo microrganismo è considerato un probiotico e la sua presenza è stata rilevata nel microbiota intestinale nella maggior parte degli adulti con abbondanze inferiori al 5%.

## BATTERI POTENZIALMENTE PATOGENI

I batteri potenzialmente patogeni possono essere presenti in modeste quantità nel microbiota intestinale di persone sane. In determinate condizioni possono prendere il sopravvento, proliferare e causare disturbi intestinali. In caso vengano riscontrati valori al di sopra della media di popolazione si consiglia di sottoporre l'analisi al clinico di riferimento ed eventualmente eseguire approfondimenti diagnostici. Ove indicato 'non rilevato' non si esclude che possa essere presente una quantità fisiologica dei batteri ricercati.



**Clostridium difficile**  
Non rilevato

I ceppi patogeni di *Clostridium difficile* hanno l'effetto di produrre svariate tossine. Clostridium è un batterio che può causare sintomi che vanno dalla diarrea all'infiammazione potenzialmente letale del colon.



**Clostridium perfringens**  
Non rilevato

Alcuni ceppi di *Clostridium perfringens* producono una tossina che rilasciata all'interno dell'intestino può essere causa di malattia. *C. perfringens* è l'agente batterico più comune per la cancrena gassosa (morte dei tessuti). Alcuni sintomi includono vesciche, tachicardia, gonfiore e ittero.



**Enterococcus faecalis**  
Non rilevato

*Enterococcus faecalis* se prolifera in maniera incontrollata può evadere la sede intestinale e causare diverse infezioni tra cui batteriemia, infezioni addominali e pelviche, infezioni del tratto urinario, infezioni orali, in particolare con canali radicolari, setticemia o avvelenamento del sangue, infezioni delle ferite, endocardite o meningite. Le persone con sistema immunitario indebolito sono particolarmente a rischio.



**Klebsiella**  
Non rilevato

Le specie di *Klebsiella* si trovano abitualmente nel naso, nella bocca e nel tratto gastrointestinale umano come flora residente; tuttavia, possono anche comportarsi come patogeni opportunisti e causare stati patologici, in particolare polmonite, infezioni del tratto urinario, sepsi, meningite, diarrea e infezioni dei tessuti molli.



**Salmonella**  
Non rilevato

Le specie di *Salmonella* sono patogeni intracellulari facoltativi. Febbre tifoide, intossicazione alimentare, gastroenterite, febbre enterica e altre malattie sono tutti i tipi di infezione da *Salmonella*. L'avvelenamento da *Salmonella* è spesso legato ad acqua o alimenti contaminati, in particolare carne, pollame e uova. I sintomi includono crampi addominali, diarrea e vomito, che tendono ad apparire da 12 a 72 ore dopo l'infezione.



## Compendium

**⚠** È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri che digeriscono il glutine. Poiché il glutine è una proteina difficile da digerire, una bassa abbondanza di questi batteri potrebbe incrementare il rischio di sviluppare malattie autoimmuni in persone geneticamente predisposte a sviluppare il morbo celiaco.

**🛒** Si consiglia di aumentare il consumo di latticini fermentati come kefir, latticello, yogurt o formaggio non pastorizzato. Come alternativa vegana è possibile prediligere prodotti a base di soia fermentata.

**📄** doi: 10.1053/j.gastro.2016.06.041, 10.3390/nu10121824, 10.3389/fmicb.2017.00846, 10.1016/j.resmic.2017.04.008

**⚠** È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di idrogeno solforato. Bassi livelli di solfobatteri possono portare alla produzione di scarse quantità di idrogeno solforato. Questo composto ha effetti positivi sull'interazione batterioepitelio velocizzando la riparazione della mucosa intestinale. Ha inoltre effetto cardio protettore.

**🛒** Si consiglia di aumentare il consumo di alimenti ricchi di zolfo come il kale, cavolo, cavolfiore, asparagi, broccoli, cipolle, aglio, avocado, patate dolci e frutta secca.

**📄** doi: 10.1152/ajpgi.00249.2017, 10.1073/pnas.1815661116, 10.3389/fphys.2016.00156

**⚠** È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri probiotici. I batteri probiotici, quando somministrati nelle corrette dosi, conferiscono benefici in termini di salute generale. Lactobacillus, Lactococcus e Bifidobacterium sono i generi che contengono più batteri probiotici.

**🛒** I cibi fermentati contengono batteri probiotici. Si consiglia pertanto di incrementare il consumo di cibi come il kimchi, i crauti, il kefir, il tempeh, il kombucha o lo yogurt. I formaggi, prodotti da latte non pastorizzato, sono anch'essi inclusi tra gli alimenti che incrementano la presenza di batteri probiotici.


**📄** doi: 10.1016/j.copbio.2016.11.010, 10.3390/nu7010390


**⚠** È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri che producono vitamina B9. Una carenza di folato, prodotta principalmente dal processo di fermentazione di diversi batteri probiotici, potrebbe causare anemia.

**🛒** Si consiglia di aumentare il consumo di latticini fermentati come kefir, latticello, yogurt o formaggio non pastorizzato. Come alternativa vegana si possono prediligere prodotti a base di soia fermentata.

**📄** doi: 10.3389/fcimb.2018.00314, 10.3389/fmicb.2017.00846

 É stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina K. La vitamina K aiuta il tuo corpo a costruire ossa e tessuti sani, oltre ad avere un ruolo importante nella coagulazione.

 Si consiglia di aumentare il consumo di latticini fermentati come kefir, latticello, yogurt o formaggio non pastorizzato. Come alternativa vegana si possono prediligere prodotti a base di soia fermentata. Anche la carne fermentata, come i salumi, da consumare moderatamente, incrementa l'abbondanza di questi batteri.

 doi: 10.5772/63117, 10.5772/63712

## Limiti del test

Microbalance Cut non ha finalità diagnostiche; il test consente di identificare la composizione della popolazione batterica intestinale (microbiota) e di correlarla con le principali funzioni fisiologiche dell'ospite. Il profilo individuato non esclude in modo assoluto la possibilità che alcuni batteri non siano stati rilevati. La metodica inoltre non consente di valutare la vitalità dei batteri identificati. Il risultato ottenuto rappresenta una fotografia della situazione al momento del campionamento e può variare in seguito a cambiamenti delle abitudini alimentari o all'assunzione di integratori o farmaci. I suggerimenti di carattere alimentare e le raccomandazioni di probiotici o integratori alimentari non rappresentano in alcun modo dei piani alimentari o terapeutici. Qualunque modifica dello stile di vita e della dieta o eventuali interventi farmacologici devono essere decisi in sede di visita medica specialistica e non possono prescindere da una corretta valutazione anamnestica dell'individuo e da eventuali ulteriori indagini.

---

**Firma** (nome e cognome)

**Tabella Tassonomica**

PHYLUM	GENERE*	VALORE RILEVATO (%)	Intervallo di riferimento (%)	
Firmicutes	Acetanaerobacterium	0.01	0.00 - 0.005	▲
Firmicutes	Acetivibrio	0.02	0.004 - 0.06	■
Proteobacteria	Achromobacter	0.001	0.00 - 0.007	■
Actinobacteria	Actinomyces	0.003	0.0003 - 0.21	■
Actinobacteria	Adlercreutzia	0.30	0.00 - 0.0002	▲
Firmicutes	Agathobacter	0.002	0.00 - 0.11	■
Proteobacteria	Alcaligenes	0.002	0.00 - 0.04	■
Bacteroidetes	Alistipes	2.35	0.74 - 3.77	■
Firmicutes	Anaerobacterium	0.001	0.00 - 0.0003	▲
Firmicutes	Anaeromassilibacillus	0.02	0.004 - 0.07	■
Firmicutes	Anaerosporobacter	0.10	0.0005 - 0.07	▲
Firmicutes	Anaerostipes	2.86	0.24 - 1.56	▲
Firmicutes	Anaerotruncus	0.06	0.001 - 0.07	■
Firmicutes	Anaerovorax	0.01	0.00002 - 0.006	▲
Actinobacteria	Atopobium	0.009	0.00 - 0.03	■
Bacteroidetes	Bacteroides	31.90	14.59 - 34.32	■
Firmicutes	Bariatricus	0.0009	0.00 - 0.02	■
Bacteroidetes	Barnesiella	0.06	0.02 - 0.90	■
Proteobacteria	Basfia	0.004	0.00 - 0.00	▲
Proteobacteria	Bilophila	2.00	0.04 - 0.47	▲
Firmicutes	Bittarella	0.02	0.0002 - 0.01	▲
Firmicutes	Blautia	1.30	0.71 - 3.87	■
Firmicutes	Butyricoccus	1.90	0.11 - 0.67	▲
Firmicutes	Butyrivibrio	0.02	0.04 - 1.35	▼
Calditrichaeota	Calorithrix	0.003	0.00 - 0.00	▲
Tenericutes	Candidatus Phytoplasma	0.07	0.0002 - 0.03	▲
Firmicutes	Candidatus Soleaferrea	0.0009	0.001 - 0.03	▼
Bacteroidetes	Candidatus Symbiothrix	0.009	0.00 - 0.002	▼
Firmicutes	Caproiciproducens	0.003	0.009 - 0.10	▼
Firmicutes	Casaltella	0.01	0.00 - 0.09	■
Firmicutes	Catabacter	0.004	0.00 - 0.00	▲
Firmicutes	Catonella	0.001	0.00006 - 0.01	■
Firmicutes	Christensenella	0.006	0.0005 - 0.01	■
Firmicutes	Clostridium	1.27	1.25 - 4.63	■
Firmicutes	Colidextribacter	0.22	0.009 - 0.08	▲
Actinobacteria	Collinsella	2.01	0.002 - 0.34	▲
Firmicutes	Coprobacillus	0.06	0.00 - 0.13	■
Bacteroidetes	Coprobacter	0.28	0.001 - 0.11	▼
Firmicutes	Coprococcus	0.02	0.13 - 1.53	▼
Bacteroidetes	Culturomica	0.002	0.00 - 0.01	■
Actinobacteria	Denitrobacterium	0.01	0.00 - 0.006	▲
Proteobacteria	Desulfovibrio	0.02	0.001 - 0.36	■
Firmicutes	Dielma	0.010	0.00 - 0.00	▲
Firmicutes	Dorea	0.76	0.34 - 1.25	■
Firmicutes	Drancourtella	0.08	0.00 - 0.003	▲
Bacteroidetes	Dysgonomonas	0.0009	0.00 - 0.23	■
Actinobacteria	Eggerthella	0.08	0.001 - 0.07	▲
Firmicutes	Eisenbergiella	0.05	0.0002 - 0.23	■
Firmicutes	Erysipelatoclostridium	0.20	0.006 - 0.33	■
Firmicutes	Eubacterium	10.39	1.26 - 3.84	▲
Firmicutes	Faecalibacterium	6.00	5.68 - 15.26	■
Firmicutes	Faecalicatena	0.01	0.003 - 0.08	■
Firmicutes	Falcatimonas	0.0009	0.0009 - 0.01	■
Firmicutes	Flavonifractor	0.18	0.03 - 0.42	■
Firmicutes	Fusicatenibacter	0.03	0.00 - 0.45	■
Firmicutes	Gemmiger	0.07	0.21 - 1.84	▼
Firmicutes	Gorbachella	0.007	0.00 - 0.006	▲
Actinobacteria	Gordonibacter	0.005	0.0006 - 0.02	■
Proteobacteria	Haemophilus	0.007	0.002 - 1.17	■



PHYLUM	GENERE*	VALORE RILEVATO (%)	Intervallo di riferimento (%)	
Firmicutes	Hespellia	0.006	0.00 - 0.22	▬
Firmicutes	Holdemania	0.13	0.01 - 0.08	▲
Firmicutes	Hungatella	0.06	0.01 - 0.31	▬
Firmicutes	Hydrogenoanaerobacterium	0.002	0.001 - 0.01	▬
Firmicutes	Ihubacter	0.006	0.002 - 0.05	▬
Firmicutes	Intestinibacillus	0.09	0.0002 - 0.03	▲
Firmicutes	Intestinibacter	0.004	0.00 - 0.12	▬
Firmicutes	Intestinimonas	0.43	0.05 - 0.27	▲
Firmicutes	Lachnobacterium	0.002	0.00007 - 0.12	▬
Firmicutes	Lachnoclostridium	0.83	0.44 - 1.83	▬
Firmicutes	Lachnospira	0.006	0.17 - 1.26	▼
Firmicutes	Lachnotalea	0.002	0.00 - 0.003	▬
Firmicutes	Lactobacillus	0.04	0.008 - 1.52	▬
Firmicutes	Lactonifactor	0.03	0.01 - 0.10	▬
Firmicutes	Leuconostoc	0.002	0.00 - 0.03	▬
Proteobacteria	Mailhella	0.04	0.00 - 0.01	▲
Firmicutes	Marseillibacter	0.001	0.10 - 0.71	▼
Firmicutes	Massilioclostridium	0.003	0.0009 - 0.02	▬
Firmicutes	Merdibacter	0.002	0.00004 - 0.03	▬
Firmicutes	Mordavella	0.0009	0.00 - 0.0006	▲
Firmicutes	Natranaerovirga	0.01	0.0004 - 0.008	▬
Cyanobacteria	Nodosilinea	0.0009	0.00 - 0.00	▲
Proteobacteria	Noviherbaspirillum	0.0009	0.00 - 0.00	▲
Firmicutes	Oribacterium	0.01	0.01 - 0.23	▼
Firmicutes	Oscillibacter	0.20	0.12 - 0.54	▬
Firmicutes	Paeniclostridium	0.004	0.00 - 0.003	▲
Firmicutes	Papillibacter	0.006	0.006 - 0.04	▬
Bacteroidetes	Parabacteroides	1.36	0.86 - 3.72	▬
Actinobacteria	Paraeggerthella	0.002	0.00 - 0.0009	▲
Proteobacteria	Parasutterella	0.02	0.03 - 0.89	▼
Actinobacteria	Parvibacter	0.0009	0.00 - 0.003	▬
Actinobacteria	Parviterribacter	0.006	0.00 - 0.00	▲
Firmicutes	Phoceia	0.009	0.0009 - 0.02	▬
Bacteroidetes	Prevotella	0.001	0.18 - 15.33	▼
Firmicutes	Pseudoflavonifractor	0.01	0.005 - 0.05	▬
Actinobacteria	Raoultibacter	0.13	0.0005 - 0.01	▲
Proteobacteria	Rhodospirillum	0.12	0.00 - 0.00	▬
Firmicutes	Robinsoniella	0.03	0.0002 - 0.07	▬
Firmicutes	Roseburia	4.18	2.14 - 7.89	▬
Firmicutes	Ruminiclostridium	0.05	0.02 - 1.24	▬
Firmicutes	Ruminococcus	3.04	1.30 - 4.91	▬
Firmicutes	Ruthenibacterium	0.02	0.007 - 0.48	▬
Actinobacteria	Senegalimassilia	0.32	0.00006 - 0.06	▲
Firmicutes	Shuttleworthia	0.0009	0.00 - 0.004	▬
Actinobacteria	Slackia	0.0009	0.00006 - 0.04	▬
Spirochaetes	Spirochaeta	0.001	0.00 - 0.003	▬
Firmicutes	Sporobacter	0.01	0.003 - 0.11	▬
Firmicutes	Stomatobaculum	0.003	0.00 - 0.007	▬
Firmicutes	Streptococcus	0.16	0.02 - 2.12	▬
Proteobacteria	Sutterella	3.28	0.02 - 0.85	▲
Firmicutes	Syntrophococcus	0.002	0.0002 - 0.02	▬
Firmicutes	Turicibacter	0.001	0.0003 - 0.13	▬
Firmicutes	Tyzzereella	0.08	0.02 - 0.90	▬
Firmicutes	Veillonella	0.01	0.0006 - 1.16	▬
Lentisphaerae	Victivallis	0.06	0.00005 - 0.03	▲
Tenericutes	unkn. Acholeplasmataceae(f)	0.01	0.00005 - 0.02	▬
Tenericutes	unkn. Acholeplasmatales(o)	0.009	0.00 - 0.02	▬
Actinobacteria	unkn. Actinobacteria(c)	0.04	0.003 - 0.23	▬
Actinobacteria	unkn. Actinobacteria(p)	0.03	0.0008 - 0.12	▬
Proteobacteria	unkn. Alcaligenaceae(f)	0.002	0.00 - 0.005	▬
Proteobacteria	unkn. Alphaproteobacteria(c)	0.28	0.0009 - 0.25	▲
unkn. Archaea(d)	unkn. Archaea(d)	0.0009	0.00 - 0.00	▲

PHYLUM	GENERE*	VALORE RILEVATO (%)	Intervallo di riferimento (%)	
Actinobacteria	unkn. Atopobiaceae(f)	0.12	0.00 - 0.003	▲
Firmicutes	unkn. Bacillales(o)	0.02	0.010 - 0.35	■
Firmicutes	unkn. Bacilli(c)	0.61	0.02 - 0.25	▲
unkn. Bacteria(d)	unkn. Bacteria(d)	0.58	0.54 - 2.99	■
Bacteroidetes	unkn. Bacteroidaceae(f)	0.12	0.02 - 0.18	■
Bacteroidetes	unkn. Bacteroidales(o)	0.63	0.20 - 2.11	■
Bacteroidetes	unkn. Bacteroidetes(p)	0.05	0.16 - 1.84	▼
Bacteroidetes	unkn. Bacteroidia(c)	0.17	0.03 - 1.08	■
Proteobacteria	unkn. Betaproteobacteria(c)	0.02	0.01 - 0.18	■
Proteobacteria	unkn. Burkholderiales(o)	0.06	0.001 - 0.19	■
Calditrichaeota	unkn. Calditrichae(c)	0.02	0.00 - 0.00	▲
Calditrichaeota	unkn. Calditrichaeota(p)	0.04	0.00 - 0.0007	▲
Calditrichaeota	unkn. Calditrichales(o)	0.06	0.00 - 0.00	▲
Proteobacteria	unkn. Caulobacteraceae(f)	0.004	0.00 - 0.003	▲
Firmicutes	unkn. Christensenellaceae(f)	0.005	0.00 - 0.003	▲
Proteobacteria	unkn. Chromatiaceae(f)	0.002	0.00 - 0.004	■
Chrysiogenetes	unkn. Chrysiogenales(o)	0.002	0.00 - 0.00	▲
Chrysiogenetes	unkn. Chrysiogenetes(c)	0.002	0.00 - 0.00	▲
Firmicutes	unkn. Clostridia(c)	0.79	0.75 - 2.74	■
Firmicutes	unkn. Clostridiaceae(f)	0.15	0.17 - 0.69	▼
Firmicutes	unkn. Clostridiales Family XIII. Incertae Sedis(f)	0.006	0.005 - 0.04	■
Firmicutes	unkn. Clostridiales(o)	8.61	4.09 - 8.44	▲
Proteobacteria	unkn. Comamonadaceae(f)	0.0009	0.00 - 0.06	■
Actinobacteria	unkn. Coriobacteriaceae(f)	0.10	0.010 - 0.17	■
Actinobacteria	unkn. Coriobacteriales(o)	0.18	0.00005 - 0.010	▲
Actinobacteria	unkn. Coriobacteriia(c)	0.22	0.007 - 0.09	▲
Actinobacteria	unkn. Corynebacteriales(o)	0.004	0.0006 - 0.62	■
Cyanobacteria	unkn. Cyanobacteria(p)	0.51	0.001 - 0.06	▲
Bacteroidetes	unkn. Cytophagales(o)	0.001	0.0004 - 0.009	■
Bacteroidetes	unkn. Cytophagia(c)	0.003	0.00 - 0.02	■
Deinococcus-Thermus	unkn. Deinococcus-Thermus(p)	0.0009	0.00 - 0.0004	▲
Proteobacteria	unkn. Deltaproteobacteria(c)	0.13	0.002 - 0.03	▲
Cyanobacteria	unkn. Desertifilaceae(f)	0.0009	0.00 - 0.00	▲
Proteobacteria	unkn. Desulfovibrionaceae(f)	0.02	0.00007 - 0.02	■
Proteobacteria	unkn. Desulfovibrionales(o)	0.01	0.00007 - 0.01	▲
Actinobacteria	unkn. Eggerthellaceae(f)	0.19	0.008 - 0.08	▲
Actinobacteria	unkn. Eggerthellales(o)	0.15	0.00 - 0.01	▲
Proteobacteria	unkn. Enterobacteriaceae(f)	0.0009	0.07 - 1.46	▼
Proteobacteria	unkn. Epsilonproteobacteria(c)	0.002	0.00 - 0.003	■
Firmicutes	unkn. Erysipelotrichaceae(f)	0.07	0.0008 - 0.06	▲
Firmicutes	unkn. Erysipelotrichales(o)	0.03	0.00003 - 0.010	▲
Firmicutes	unkn. Erysipelotrichia(c)	0.009	0.00 - 0.03	■
Firmicutes	unkn. Eubacteriaceae(f)	0.40	0.18 - 1.32	■
Firmicutes	unkn. Firmicutes(p)	0.43	0.87 - 2.90	▼
Bacteroidetes	unkn. Flammeovirgaceae(f)	0.003	0.00 - 0.0001	▲
Proteobacteria	unkn. Gammaproteobacteria(c)	0.009	0.008 - 0.26	■
Firmicutes	unkn. Lachnospiraceae(f)	2.95	0.74 - 2.27	▲
Firmicutes	unkn. Lactobacillaceae(f)	0.003	0.001 - 0.09	■
Firmicutes	unkn. Lactobacillales(o)	0.16	0.005 - 0.30	■
Cyanobacteria	unkn. Leptolyngbyaceae(f)	0.001	0.00 - 0.0006	▲
Tenericutes	unkn. Mollicutes(c)	0.008	0.0008 - 0.09	■
Proteobacteria	unkn. Myxococcales(o)	0.002	0.00 - 0.0004	▲
Proteobacteria	unkn. Nautiliales(o)	0.005	0.00 - 0.00	▲
Thaumarchaeota	unkn. Nitrosopumilales(o)	0.007	0.00 - 0.00	▲
Cyanobacteria	unkn. Oscillatoriales(o)	0.0009	0.00 - 0.0006	▲
Firmicutes	unkn. Oscillospiraceae(f)	0.02	0.08 - 0.99	▼
Proteobacteria	unkn. Oxalobacteraceae(f)	0.0009	0.00 - 0.01	■
Firmicutes	unkn. Paenibacillaceae(f)	0.003	0.00 - 0.004	■

PHYLUM	GENERE*	VALORE RILEVATO (%)	Intervallo di riferimento (%)	
Proteobacteria	unkn. Pasteurellaceae(f)	0.004	0.00 - 0.11	▬
Proteobacteria	unkn. Pasteurellales(o)	0.0009	0.00 - 0.003	▬
Firmicutes	unkn. Peptococcaceae(f)	0.003	0.0002 - 0.008	▬
Bacteroidetes	unkn. Porphyromon- adaceae(f)	0.18	0.008 - 0.09	▲
Actinobacteria	unkn. Propionibacteriales(o)	0.13	0.00 - 0.01	▲
Proteobacteria	unkn. Proteobacteria(p)	0.16	0.03 - 0.98	▬
Proteobacteria	unkn. Pseudomonadales(o)	0.001	0.00 - 0.01	▬
Proteobacteria	unkn. Rhizobiales(o)	0.004	0.00 - 0.02	▬
Proteobacteria	unkn. Rhodospirillaceae(f)	0.40	0.00006 - 0.07	▲
Proteobacteria	unkn. Rhodospirillales(o)	0.003	0.00006 - 0.03	▬
Bacteroidetes	unkn. Rikenellaceae(f)	0.05	0.0004 - 0.37	▬
Firmicutes	unkn. Ruminococcaceae(f)	0.94	0.68 - 2.24	▬
Actinobacteria	unkn. Solirubrobacterales(o)	0.0009	0.00 - 0.0006	▲
Spirochaetes	unkn. Spirochaetales(o)	0.001	0.00 - 0.0007	▲
Spirochaetes	unkn. Spirochaetia(c)	0.005	0.00 - 0.004	▲
Firmicutes	unkn. Streptococcaceae(f)	0.02	0.005 - 0.16	▬
Proteobacteria	unkn. Sutterellaceae(f)	0.08	0.0001 - 0.05	▲
Cyanobacteria	unkn. Synechococcales(o)	0.001	0.00003 - 0.008	▬
Synergistetes	unkn. Synergistetes(p)	0.0009	0.00 - 0.002	▬
Firmicutes	unkn. Syntrophomon- adaceae(f)	0.003	0.00 - 0.010	▬
Tenericutes	unkn. Tenericutes(p)	0.002	0.02 - 1.13	▼
Thaumarchaeota	unkn. Thaumarchaeota(p)	0.28	0.00 - 0.0003	▲
Actinobacteria	unkn. Thermoleophilia(c)	0.001	0.00 - 0.0006	▲
Proteobacteria	unkn. Thiotrichales(o)	0.0009	0.00 - 0.0004	▲
Firmicutes	unkn. Tissierellales(o)	0.001	0.00 - 0.02	▬
Firmicutes	unkn. Tissierellia(c)	0.006	0.00006 - 0.02	▬
Firmicutes	unkn. Veillonellaceae(f)	0.004	0.00009 - 0.05	▬
Lentisphaerae	unkn. Victivallaceae(f)	0.002	0.00 - 0.04	▬

\*IN ASSENZA DEL GENERE, INDICA IL GRUPPO TASSONOMICO RILEVATO

unkn: genere non identificato

f: famiglia

o: ordine

c: classe

p: phylum