

MICROBALANCE GUT REPORT

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.

Codice analisi:

Nome paziente:

Data di nascita:

Sesso:

Analisi richiesta:

MICROBALANCE GUT

Tipologia campione:

Raccolta campione:

Ricevimento campione:

Data del report:

Feci

INFORMAZIONI GENERALI

I box evidenziati con il colore verde rappresentano un valore ottimale del microbioma. I box in rosso mostrano un valore che si discosta sensibilmente dal valore ottimale mentre quelli in arancione mostrano un valore nella media della popolazione di riferimento.

INDICI

 <p>SIMILARITÀ</p> <p>Basso</p> <p>76.77 %</p>	 <p>Il valore di similarità suggerisce quanto un microbioma sia simile ad un altro microbioma di una popolazione sana di riferimento. I valori di similarità sono compresi in un range che va da 0% a 100%. 0% indica un campione senza alcuna similarità (nessun taxa in comune), mentre 100% indica una composizione tassonomica molto simile a un campione della popolazione sana di riferimento. Il valore di somiglianza deriva dalla metrica di divergenza Jensen-Shannon (JSD).</p>
 <p>DIVERSITÀ</p> <p>Alto</p> <p>Paziente: 2.75 % Popolazione: 2.24 % - 2.71 %</p>	 <p>Il microbiota umano è composto da migliaia di specie batteriche. Questi microrganismi hanno un immenso potenziale metabolico, e i loro prodotti hanno un impatto sul nostro organismo. Un'alto valore di diversità è indice di buona salute del microbiota. Questo valore fornisce informazioni circa la biodiversità dei batteri presenti nell'intestino al momento del campionamento.</p>
 <p>ENTEROTIPO</p> <p>Bacteroides</p>	<p>Gli enterotipi sono profili specifici del microbioma: le persone il cui microbioma appartiene all'enterotipo 1 presentano una predominanza di Bacteroides in quelle che presentano l'enterotipo 2 sono predominanti le specie del genere Prevotella.</p>
 <p>GRAM+ / GRAM-</p> <p>Nella media</p> <p>Paziente: 1.97 % Popolazione: 0.36 % - 10.50 %</p>	 <p>Gram-positivi e gram-negativi sono gruppi di batteri che si distinguono per la composizione e la struttura della parete cellulare e della membrana. Le differenze tra batteri gram+ e gram- si trovano nei loro involucri cellulari: mentre i batteri gram- hanno 2 membrane separate da una sottile parete cellulare di peptidoglicano con lipopolisaccaridi (LPS) sulla superficie esterna, i batteri gram+ hanno solo 1 membrana con uno spesso strato di peptidoglicano sulla superficie esterna. Un rapporto Gram+/Gram- moderato (da 0.3 a 10) è associato a un microbioma intestinale sano; un rapporto più elevato è stato associato a malattie specifiche come l'obesità mentre un rapporto più basso è stato associato all'instaurarsi di una condizione infiammatoria.</p>



AEROBI / ANAEROBI

Nella media

Paziente: **0.0 %**
Popolazione: 0.00054 % - 0.14 %

I batteri aerobi, a differenza degli anaerobi, 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. Gli anaerobi obbligati si trovano principalmente nel nostro intestino, specialmente nel colon.



FIRMICUTES / BACTEROIDETES

3.37

Firmicutes e Bacteroidetes sono i due phyla dominanti nel microbiota intestinale, e 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.

NUTRIZIONE



BATTERI CHE DEGRADANO IL GLUTINE

Basso

Paziente: **0.30 %**
Popolazione: 0.63 % - 15.66 %

Il glutine è una proteina che si trova nel grano, nella segale, nel farro, nell'orzo e in altri cereali. Questa proteina ha caratteristiche che la rendono difficile da digerire da parte dagli enzimi umani. Diversi studi dimostrano che alcuni batteri intestinali possono contribuire alla digestione del glutine.







BATTERI CHE DIGERISCONO IL LATTOSIO

Nella media



Paziente: **13.45 %**
Popolazione: 9.89 % - 23.86 %



Il lattosio è uno zucchero comune presente nei prodotti lattiero-caseari che di solito viene digerito nell'intestino tenue e la cui intolleranza ha un background genetico. Tuttavia, alcuni batteri intestinali sono in grado di degradarlo grazie alla loro attività endogena di lattasi, soprattutto le specie appartenente ai 'Lactobacillus' e ai 'Bifidobacterium'.

  <p>BATTERI PRODUTTORI DI SCFA</p> <p>Nella media</p> <p>Paziente: 5.02 % Popolazione: 4.71 % - 10.20 %</p>	<p>Gli acidi grassi a catena corta (SCFA) sono un gruppo di molecole prodotte quando le fibre alimentari vengono digerite da parte di alcuni batteri intestinali. Fungono da nutrimento per gli enterociti, vengono assorbiti dalla parete intestinale e di solito hanno effetti benefici sulla nostra salute.</p>
---	--

  <p>TOSSICITÀ ALL'ALCOL</p> <p>Basso</p>	<p>Nell'intestino sono presenti alcuni tipi di batteri dotati dell'enzima alcol deidrogenasi che, in presenza di alcol (etanolo) producono il composto reattivo e tossico acetaldeide. Questo prodotto può esercitare effetti negativi sull'attività di diversi enzimi. Livelli elevati di acetaldeide aumentano il rischio di sviluppare malattie connesse all'utilizzo di alcol.</p>
---	--

STATO DI SALUTE

  <p>PERMEABILITÀ INTESTINALE</p> <p>Nella media</p> <p>Paziente: 40.99 % Popolazione: 28.48 % - 47.08 %</p>	<p>L'intestino è la più grande interfaccia tra l'ospite e l'ambiente del nostro corpo. In mezzo troviamo la barriera intestinale, che è essenziale per mantenere uno stato di salute ottimale. Questa barriera ha una costituzione mucosa e la sua alterazione perturba la permeabilità intestinale.</p>
---	--

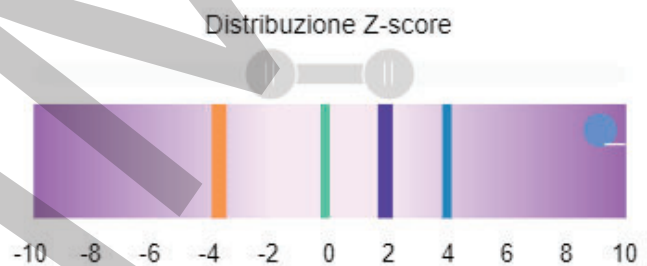
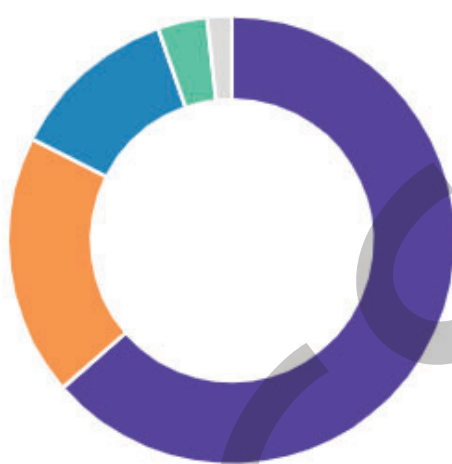
  <p>BATTERI PRODUTTORI DI LPS</p> <p>Nella media</p> <p>Paziente: 0.050 % Popolazione: 0.026 % - 0.45 %</p>	<p>I lipopolisaccaridi (LPS) sono complessi chimici lipidi-polisaccaridi comunemente presenti nella membrana esterna dei batteri gram-negativi. È noto che queste molecole promuovano l'infiammazione intestinale e aumentino la permeabilità dell'intestino.</p>
---	---

COMPOSIZIONE DEL MICROBIOMA

I grafici a torta illustrano la classificazione tassonomica del campione a livello di Phyla e di Genere. I dati nel grafico a torta e nella tabella sono rappresentati in ordine decrescente, dai batteri presenti in maggiore abbondanza a quelli presenti in minore abbondanza. Nelle legende, 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.

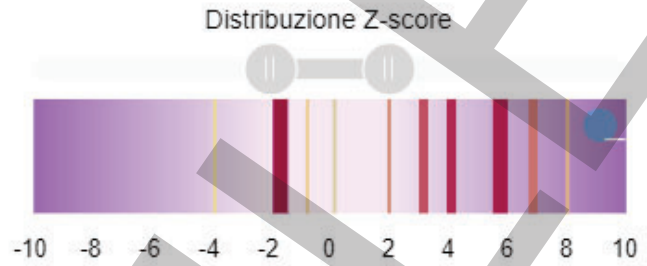
I grafici di distribuzione Z-score descrivono la distanza di un valore dalla media della popolazione. Valori di Z-score compresi tra -2 e 2 si considerano sufficientemente vicini alla media, ciò ci permette di dire che l'abbondanza di un microrganismo è coerente con quello che vediamo nella popolazione di riferimento. Invece, valori di Z-score più bassi o più alti indicano che l'abbondanza identificata per un microrganismo è più bassa o più alta del previsto rispetto alla popolazione di riferimento.

PHYLA



PHYLUM	VALORE RILEVATO (%)	VALORI DI RIFERIMENTO (%)	Z-SCORE	
Firmicutes	63.59	42.52 - 64.36	1.87	≡
Bacteroidetes	18.86	25.93 - 48.34	-3.74	▼
Actinobacteria	12.22	0.54 - 5.97	3.95	▲
Proteobacteria	3.56	1.01 - 9.84	-0.16	≡
Restanti taxa	1.76	-	-	

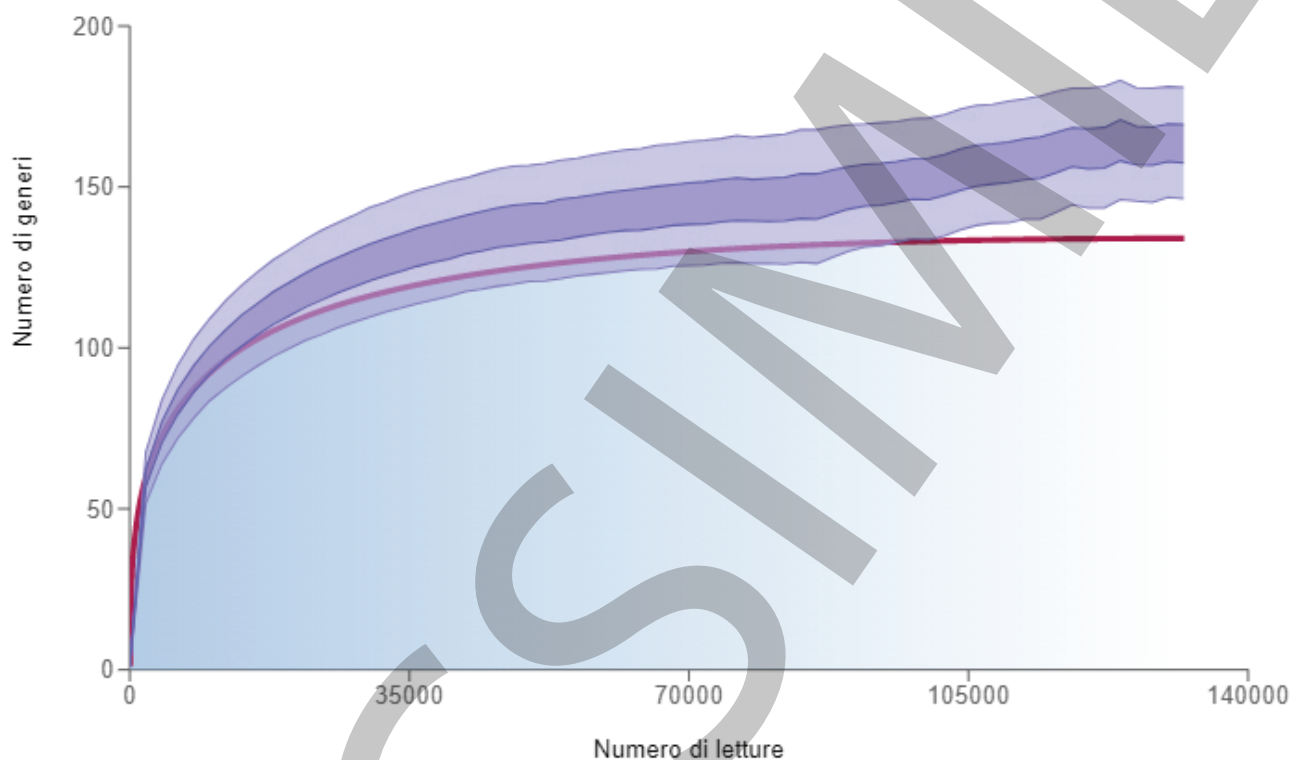
GENERI



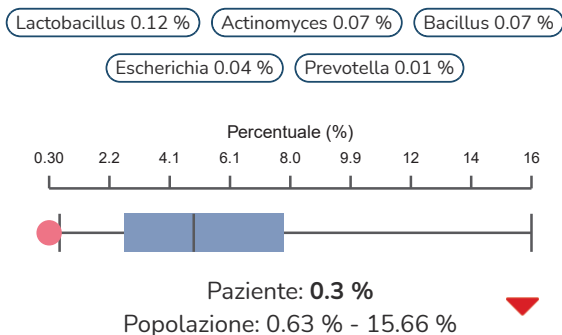
GENERE	VALORE RILEVATO (%)	VALORI DI RIFERIMENTO (%)	Z-SCORE	
Bacteroides	15.82	14.59 - 34.32	-1.67	≡
Streptococcus	13.14	0.02 - 2.12	5.75	▲
unkn. Clostridiales(o)	11.62	4.09 - 8.44	4.10	▲
Bifidobacterium	6.83	0.12 - 3.95	3.16	▲
unkn. Lachnospiraceae(f)	5.98	0.74 - 2.27	6.86	▲
Blautia	3.87	0.71 - 3.87	2.00	≡
Collinsella	3.75	0.00 - 0.34	8.02	▲
Roseburia	3.42	2.14 - 7.89	-0.76	≡
Faecalibacterium	3.08	5.68 - 15.26	-3.88	▼
Ruminococcus	2.87	1.30 - 4.91	0.16	≡
unkn. Ruminococcaceae(f)	2.82	0.68 - 2.24	2.97	▲
Eubacterium	2.33	1.26 - 3.84	0.02	≡
Clostridium	2.33	1.25 - 4.63	-0.32	≡
Parabacteroides	2.07	0.86 - 3.72	0.15	≡
Dorea	1.82	0.34 - 1.25	3.49	▲
Restanti taxa	18.27	-	-	

CURVA DI RAREFAZIONE

La curva di rarefazione è una rappresentazione grafica del livello di biodiversità presente nel campione analizzato. In questa curva di rarefazione è possibile vedere il numero di batteri identificati (asse Y) in funzione del numero di letture di sequenziamento (asse X). Il campione analizzato (linea rossa) è comparato alla popolazione di riferimento sana. Per maggior precisione per la popolazione di riferimento è possibile osservare le linee in viola che rappresentano percentili 2,5% e 97,5% della distribuzione campionaria della media della popolazione. L'altezza della curva di rarefazione (linea rossa) è direttamente proporzionale alla quantità di gruppi batterici presenti nel campione analizzato.



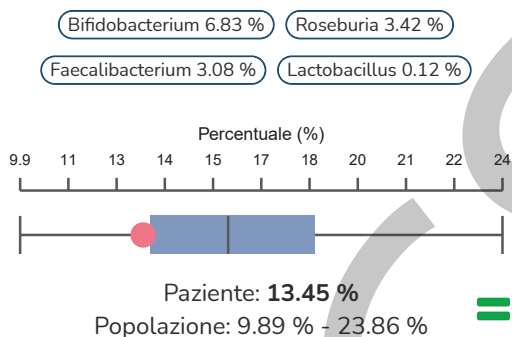
BATTERI CHE DEGRADANO IL GLUTINE



La sequenza aminoacidica del glutine gli conferisce resistenza all'idrolisi da parte degli enzimi digestivi umani. Questo si traduce in una digestione parziale della proteina, che produce peptidi relativamente grandi che possono comportarsi come antigeni e promuovere l'attivazione di processi infiammatori. Le persone che soffrono di celiachia sviluppano un'intolleranza alle proteine del glutine, che provoca una risposta immunitaria infiammatoria e la produzione di anticorpi contro il glutine e la transglutaminasi tissutale. Ci sono alcuni batteri del microbiota che possono aiutarci nella digestione del glutine. Le malattie e le intolleranze associate alla 'gluten sensitivity' possono causare sintomi come dolore addominale, diarrea, nausea, intolleranza al lattosio e perdita di peso.

RIFERIMENTI: DOI:10.1038/NRGASTRO.2015.90, DOI:10.3390/NU1102375, DOI:10.1111/1574-6941.12295, DOI:10.1016/B978-0-12-401716-0.00013-1, DOI:10.1017/S0007114515002767, DOI:10.4161/19490976.2014.969635, DOI:10.1001/JAMA.2017.9730

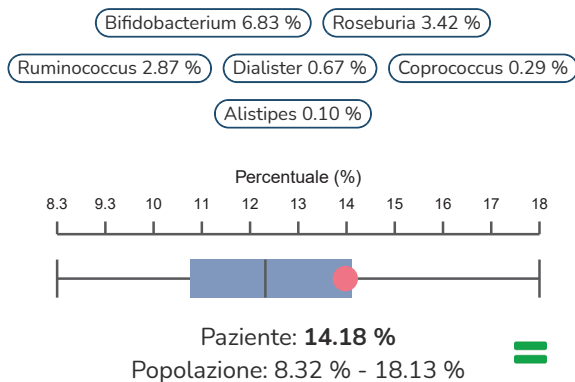
BATTERI CHE DIGERISCONO IL LATTOSIO



L'intolleranza al lattosio è dovuta ad un malassorbimento del lattosio causato dalla carenza dell'enzima lattasi o da una riduzione della sua attività enzimatica. Un'assunzione regolare di lattosio può portare a un maggiore metabolismo batterico del lattosio non digerito e a una maggiore tolleranza. I microrganismi coinvolti nella digestione del lattosio codificano l'enzima beta-galattosidasi che idrolizza il lattosio a glucosio e galattosio. Questi due prodotti vengono a loro volta fermentati per produrre acido lattico. Senza i batteri che digeriscono il lattosio, questo zucchero risulta disponibile per essere fermentato da altri batteri che producono gas e quindi gonfiore addominale, meteorismo e crampi.

RIFERIMENTI: DOI:10.1093/AJCN/NQZ104, DOI:10.3390/NU11040886, DOI:10.1155/2010/649312, DOI:10.3390/NU10121994, DOI:10.3390/NU10101517

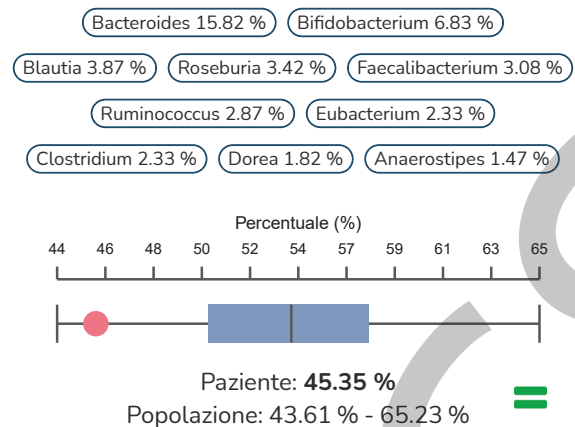
BATTERI ASSOCIATI AL MANTENIMENTO DEL PESO



Diversi studi suggeriscono che i batteri intestinali potrebbero influenzare in un certo modo il mantenimento del peso ottimale. Di solito, un arricchimento generale uguale o superiore alla popolazione è benefico per la nostra salute. Alcuni batteri sono stati descritti come utili per contrastare l'insorgenza di obesità. Un esempio è Akkermansia muciniphila, che è coinvolta nel metabolismo del glucosio e dei lipidi, nonché nel mantenimento del trofismo della barriera intestinale. I cambiamenti nell'abbondanza di questi microbi non si rifletteranno direttamente sul mantenimento di un peso corretto, poichè, per questo aspetto, giocano un ruolo anche altri fattori, come ad esempio l'esercizio fisico.

RIFERIMENTI: CASTANER, O., GODAY, A., PARK, Y. M., LEE, S. H., MAGKOS, F., SHIOW, S., & SCHRÖDER, H. (2018). THE GUT MICROBIOME PROFILE IN OBESITY: A SYSTEMATIC REVIEW. INTERNATIONAL JOURNAL OF ENDOCRINOLOGY, 2018, 4095789. DOI:10.1155/2018/4095789, CLARKE, S. F., MURPHY, E. F., NILAWEERA, K., ROSS, P. R., SHANAHAN, F., O'TOOLE, P. W., & COTTER, P. D. (2012). THE GUT MICROBIOTA AND ITS RELATIONSHIP TO DIET AND OBESITY: NEW INSIGHTS. GUT MICROBES, 3(3), 186-202. DOI:10.4161/GMIC.20168, ANDOH, A., NISHIDA, A., TAKAHASHI, K., INATOMI, O., IMAEDA, H., BAMBA, S., ... KOBAYASHI, T. (2016). COMPARISON OF THE GUT MICROBIAL COMMUNITY BETWEEN OBESE AND LEAN PEOPLES USING 16S GENE SEQUENCING IN A JAPANESE POPULATION. JOURNAL OF CLINICAL BIOCHEMISTRY AND NUTRITION, 59(1), 65-70. DOI:10.3164/JCBN.15-152, NAITO, Y., UCHIYAMA, K., & TAKAGI, T. (2018). A NEXT-GENERATION BENEFICIAL MICROBE: AKKERMANSIA MUCINIPHILA. JOURNAL OF CLINICAL BIOCHEMISTRY AND NUTRITION, 63(1), 33-35. DOI:10.3164/JCBN.18-57

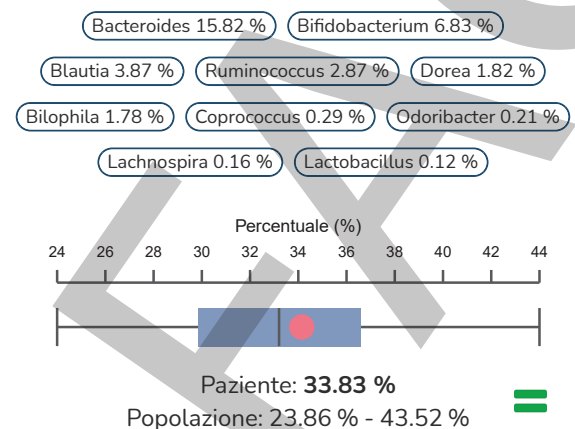
BATTERI CHE METABOLIZZANO I CARBOIDRATI



La degradazione e la fermentazione dei carboidrati hanno un impatto sulla salute dell'intestino. I carboidrati complessi (fibre alimentari) sono metabolizzati in acidi grassi a catena corta (SCFA) dal microbiota del colon. Gli SCFA diminuiscono il pH luminale, modulando così l'assorbimento metabolico e la composizione del microbiota. L'enterotipo Prevotella è associato a diete ad alto contenuto di fibre. Un aumento dei batteri produttori di butirrato nel microbioma intestinale è stato osservato nelle diete ad alto contenuto di carboidrati. Inoltre, il microbiota intestinale può influenzare l'espressione genica dell'ospite in tessuti come il fegato e i tessuti adiposi modificando la lipogenesi e la gluconeogenesi.

RIFERIMENTI: DOI:10.1097/MCO.0B013E3283619E63, DOI:10.1097/MCO.0B013E32833A8B60, DOI:10.1080/19490976.2016.1270809

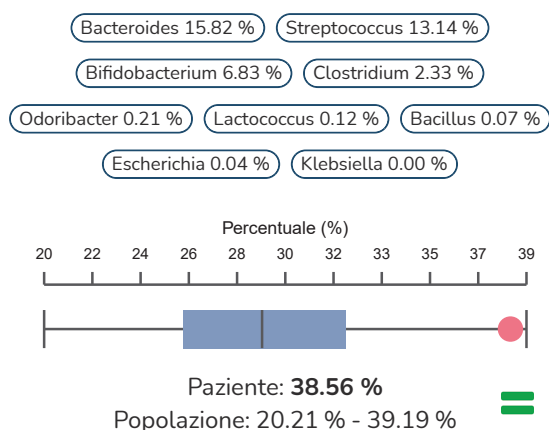
BATTERI CHE METABOLIZZANO I LIPIDI



Le diete ed in particolare i lipidi contenuti negli alimenti possono modulare la fisiologia dell'individuo e il suo microbiota intestinale. Le diete ad alto contenuto di grassi sono correlate con l'enterotipo Bacteroides e ad un transito intestinale rallentato. Inoltre, le diete ad alto contenuto di grassi sembrano facilitare la traslocazione dei lipopolisaccaridi batterici (LPS) dopo essere stati dissolti in micelle lipidiche, contribuendo così a generare stati infiammatori nell'organismo. Una dieta ricca di grassi provoca un aumento dei trigliceridi e del colesterolo circolanti da parte del microbiota intestinale. Non tutti i grassi hanno lo stesso effetto; i grassi derivati dalla carne promuovono una maggiore disfunzione metabolica rispetto ai grassi derivati dal pesce.

RIFERIMENTI: DOI:10.1007/S11154-019-09512-0, DOI:10.1080/19490976.2016.1270809, DOI:10.1097/MOL.0000000000000278

BATTERI CHE METABOLIZZANO GLI AMMINOACIDI

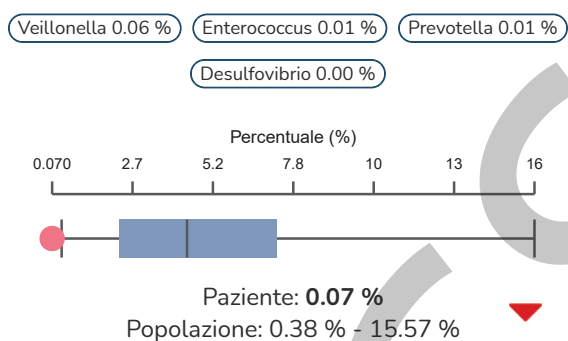


Alcuni batteri possono utilizzare gli aminoacidi provenienti dal cibo per la sintesi proteica e il metabolismo energetico nel colon e nell'intestino crasso. Per esempio, un aumento dell'abbondanza degli aminoacidi essenziali lisina e treonina derivati dal microbiota intestinale è stato osservato nelle diete alimentari ricche di azoto. L'assunzione di proteine può modulare il microbiota. In questo contesto, il controllo dell'assunzione di proteine avrà un impatto diretto sulle vie metaboliche dei batteri intestinali, spostandosi verso la fermentazione delle proteine. Quando gli aminoacidi vengono fermentati dal microbiota intestinale, vengono prodotti metaboliti primari e secondari (ad esempio ammoniaca, composti fenolici e indolici) che si pensa abbiano un effetto tossico sul lume del colon, essendo legati a diversi disturbi intestinali come la colite ulcerosa e il cancro coloretale. L'effetto sull'organismo delle diete ad alto contenuto proteico necessita di ulteriori ricerche, poichè esistono casi, come gli atleti professionisti, di individui che si alimentano con alte percentuali di proteine e risultano comunque avere corretti assetti di microbioma intestinale.

RIFERIMENTI: DOI:10.1007/S00726-017-2493-3, DOI:10.2741/3820, DOI:10.1093/JN/130.7.1857S, DOI:10.3390/NU7042930, DOI:10.1038/S41551-019-0397-0, DOI:10.1080/19490976.2016.1270809

VITAMINE

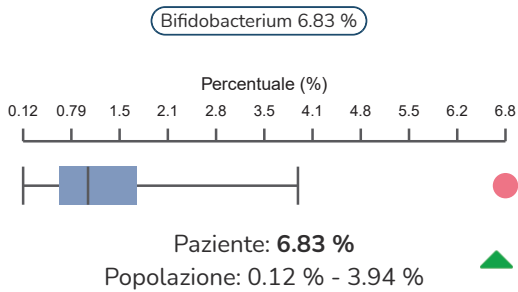
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA K



La vitamina K è una molecola liposolubile presente in due forme: il fillochinone (K1) e il menachinone (K2). Mentre il fillochinone è abbondante in diverse verdure, il menachinone ha un'origine microbica ed è presente negli alimenti fermentati. Entrambe le forme di vitamina K sono coinvolte nella regolazione della coagulazione del sangue e nella formazione e nel mantenimento delle ossa, anche se nell'osso è utilizzato preferenzialmente il menachinone. La concentrazione di vitamina K nei neonati è molto bassa a causa del microbioma intestinale immaturo e della mancanza di consumo di alimenti ricchi di vitamina K. Le cause più frequenti di carenza di vitamina K sono il ridotto apporto con la dieta, l'assorbimento inadeguato (per esempio dovuto all'alcolismo) e la diminuzione del suo immagazzinamento dovuto alla presenza di patologie epatiche; può tuttavia essere dovuta anche alla ridotta produzione intestinale di vitamina K2. I sintomi dovuti alla carenza di vitamina K includono ecchimosi, petecchie, lividi dovuti a una coagulazione più lenta, dolori addominali, alopecia, rischio di emorragie, mestruazioni abbondanti, calcificazione delle cartilagini, malformazioni ossee durante la crescita e deposito di calcio nei vasi sanguigni.

RIFERIMENTI: DOI:10.1081/E-EDS-120022055, DOI:10.1038/JP.2016.30, DOI:10.1111/JTH.13217

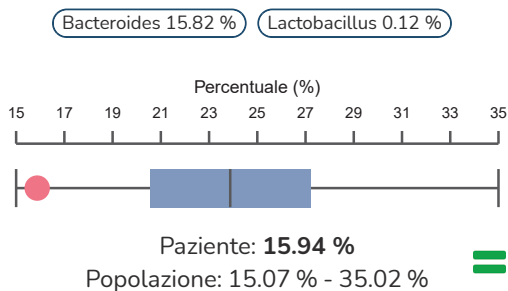
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B9



La vitamina B9 è una molecola idrosolubile che non può essere sintetizzata dall'organismo, quindi deve essere fornita assumendo alimenti di origine animale (ad esempio il fegato), legumi, verdure a foglia verde, alcuni frutti e noci. Tuttavia, questa vitamina può essere prodotta da diversi batteri presenti nell'intestino, ad esempio 'Bifidobacterium' o 'Parabacteroides'. È dimostrato che la concentrazione di folato diminuisce dopo l'esposizione al sole, poiché la radiazione ultravioletta solare (UV) lo degrada. Negli adulti, la carenza di folati si manifesta con l'anemia. Inoltre, nelle donne in gravidanza, la carenza di folato potrebbe portare a difetti nello sviluppo del tubo neurale (NTD) durante i primi mesi di gravidanza e i suoi sintomi associati includono problemi fisici come paralisi, cecità e problemi neurologici come disabilità intellettuale.

RIFERIMENTI: DOI:10.1111/J.1753-4887.2012.00485.X, DOI:10.1007/S12161-016-0647-7, DOI:10.1016/J.JPHOTOBIO.2018.10.012

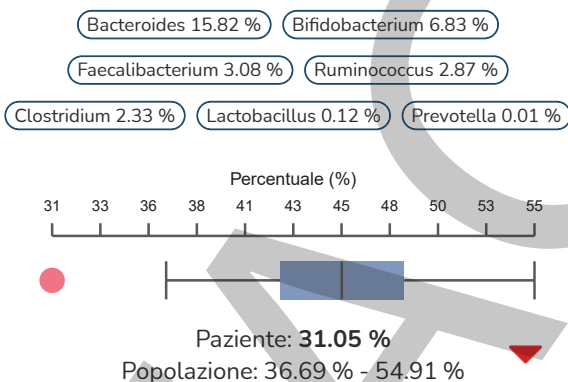
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA H



La vitamina H è una molecola solubile in acqua e alcol presente in alcuni alimenti ad esempio uova, latte, banane, sardine o funghi. Può anche essere sintetizzata nel microbioma intestinale da specie di Lactobacillus. Il suo ruolo di coenzima in alcune carbossilasi rende la vitamina H un fattore chiave per specifiche fasi del metabolismo, ma anche per la regolazione genica attraverso meccanismi epigenetici. La carenza di biotina potrebbe essere causata dall'alcolismo o da un elevato consumo di albume d'uovo, che contiene alti livelli di avidina, una proteina che si lega strettamente alla biotina. La sua carenza può causare l'insorgenza di alcuni disturbi clinici come ad esempio: perdita di pigmento e la caduta dei capelli, eruzioni cutanee rosse, depressione.

RIFERIMENTI: DOI:10.2174/1389557516666160725095729, DOI:10.1159/000462981, DOI:10.1080/14728214.2018.1463370

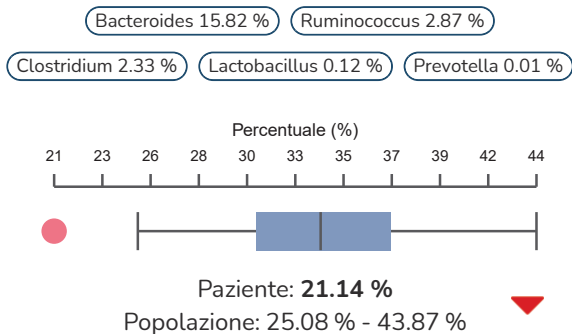
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B12



La vitamina B12 è presente principalmente negli alimenti di origine animale come carne, pesce o latte. È sintetizzata solo da alcuni batteri e archei. Questa vitamina è una molecola idrosolubile con ruoli essenziali per la funzionalità del cervello e del sistema nervoso, per la formazione delle cellule del sangue, nel metabolismo delle proteine, nella sintesi e nella regolazione del DNA. La carenza di vitamina B12 può causare sintomi come anemia, perdita di peso o alterazioni neurologiche come il morbo di Alzheimer, depressione o diminuzione delle capacità intellettive. La forma artificiale di vitamina B12 usata in alcuni integratori alimentari è chiamata cianocobalamina.

RIFERIMENTI: DOI:10.1186/S12934-017-0631-Y, DOI:10.1007/S00253-001-0902-7

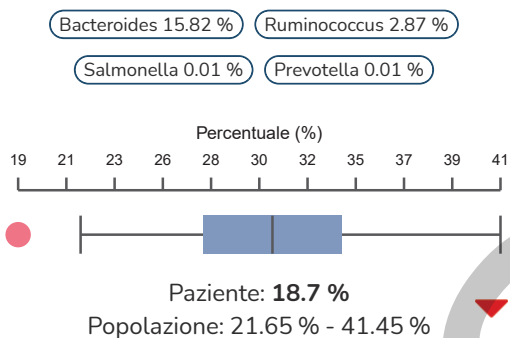
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B2



La vitamina B2 (Riboflavina) deve essere consumata quotidianamente a causa della piccola quantità che il corpo umano immagazzina e della facilità di escrezione. È presente in alimenti come uova, carne e latte. È una molecola idrosolubile assorbita nell'intestino tenue e aiuta a convertire carboidrati, aminoacidi e lipidi in energia (ATP). La funzione antiossidante della vitamina B2 gioca un ruolo importante nella protezione degli occhi (specialmente la cornea) e nella prevenzione dello stress ossidativo. Alcune malattie come l'ipotiroidismo potrebbero causare una carenza di riboflavina. Inoltre, gli alcolisti o gli anoressici sono più inclini ad avere anche questa carenza. I sintomi principali sono infiammazioni della lingua e delle labbra, disturbi della pelle e anemia. La carenza di vitamina B2 è potenzialmente pericolosa per le donne in gravidanza perché è causa di eclampsia, una malattia che può avere esiti fatali per la madre e il feto.

RIFERIMENTI: DOI:10.1146/ANNUREV.MICRO.58.030603.123615, DOI:10.1017/S0007114514000178, DOI:10.1017/CBO9781107415324.004

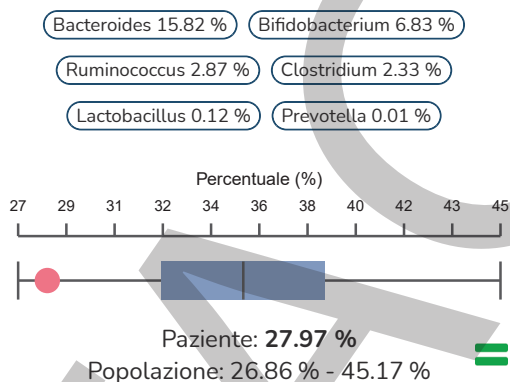
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B5



La vitamina B5 fa parte del coenzima A (CoA), un cofattore coinvolto in una moltitudine di reazioni enzimatiche e principalmente legato al metabolismo di carboidrati, proteine e lipidi. È presente in diversi alimenti come fegato, reni, uova, pesce o latte. Aiuta a combattere la fatica e partecipa alla sintesi degli ormoni legati allo stress. La carenza di vitamina B5 provoca sintomi come mal di testa, intorpidimento, mal di stomaco o irritabilità, e uno dei suoi fattori scatenanti è l'eccessivo consumo di alcol che rende difficile l'assorbimento della vitamina. A causa del suo ruolo importante nella sintesi dei grassi, alcuni studi suggeriscono un'influenza positiva della vitamina B5 sul colesterolo e i trigliceridi.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.BBRC.2020.05.015, DOI:10.2147/VHRM.S57116

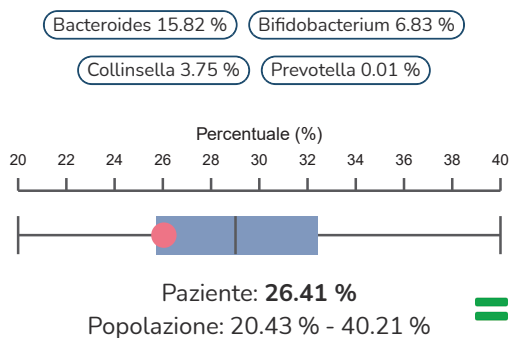
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B1



La vitamina B1 (tiamina) è una vitamina idrosolubile che svolge un ruolo importante nel metabolismo del piruvato, nella conduzione del segnale nervoso e nella fornitura di energia. Deriva principalmente da fonti alimentari ed è assorbita attraverso l'intestino. Ci sono alcuni batteri che possono sintetizzare la tiamina nell'intestino dai precursori tiamina pirofosfato (TPP) e tiazolo, entrambi identificati nel caffè, arachidi tostate, manzo o pollo cotto e patate al forno. La carenza di vitamina B1 deriva da diete povere di vitamine e dall'alcolismo. Tutti i sintomi come gli effetti neurologici e la perdita di peso sono causati dall'influenza che la tiamina ha sul metabolismo del glucosio. La carenza di vitamina B1 causa anche una patologia chiamata beriberi, che a sua volta si differenzia in 'beriberi umido' che ha un effetto sul sistema cardiovascolare, e 'beriberi secco' (chiamato anche sindrome di Wernicke-Korsakoff) che ha un effetto sul sistema nervoso.

RIFERIMENTI: DOI:10.3181/00379727-144-37642, DOI:10.1128/MSYSTEMS.00116-17, DOI:10.1016/C2009-0-02724-X

BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B6



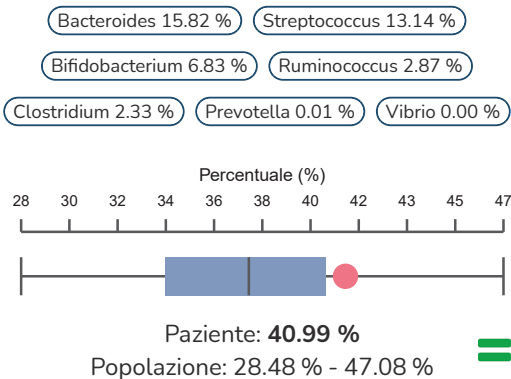
La vitamina B6 è una molecola idrosolubile che non può essere sintetizzata dall'organismo. Pertanto, deve essere assunta da fonti alimentari come il pesce (specialmente salmone e tonno), legumi o carne. Alcuni gruppi di batteri possono anche sintetizzarla nel nostro intestino. Un eccesso di vitamina B6 potrebbe causare mal di stomaco e alterazioni sensoriali. Al contrario, una carenza di vitamina B6 causa danni vascolari, danni alle mucose orali come le ulcere e infiammazioni alle labbra. Inoltre, ci potrebbero essere sintomi neurologici come irritabilità, depressione e stato confusionale. Alterazioni della funzionalità renale o epatica o l'alcolismo sono cause di carenza di vitamina B6.

RIFERIMENTI: ISBN:1420029665, DOI:10.1016/J.BIOTECHADV.2016.11.004, DOI:10.1002/JIMD.12060

STATO DI SALUTE

METABOLISMO

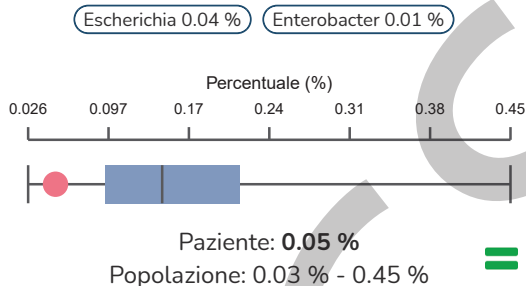
ATTIVITÀ MUCOLITICA



I fattori che indeboliscono la barriera intestinale sono dannosi per la salute dell'individuo. Tra questi fattori, troviamo fattori genetici, gastroenteriti, ingestione di detersivi, consumo eccessivo di alcol e stress emotivo. Inoltre, anche un livello troppo elevato di batteri mucolitici può causare la degradazione dello strato mucosale, soprattutto nelle diete a basso contenuto di fibre, riducendo così la funzione protettiva della barriera intestinale.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.GENDIS.2014.08.001, DOI:10.1016/J.CELL.2016.10.043

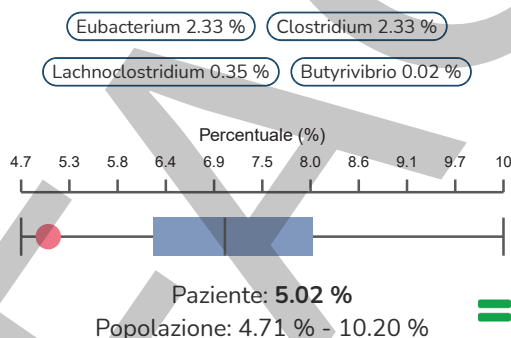
PRODUTTORI LPS



I lipopolisaccaridi (LPS) sono identificati dalle cellule immunitarie come molecole associate agli agenti patogeni. Questo provoca un'attivazione di citochine proinfiammatorie. I Bacteroidetes e i Proteobacteria sono i principali responsabili dell'innalzamento dei valori di LPS.

RIFERIMENTI: DOI:10.3390/MOLECULES21111558, DOI:10.1016/J.AJPATH.2017.08.005, DOI:10.1097/MCO.0000000000000526

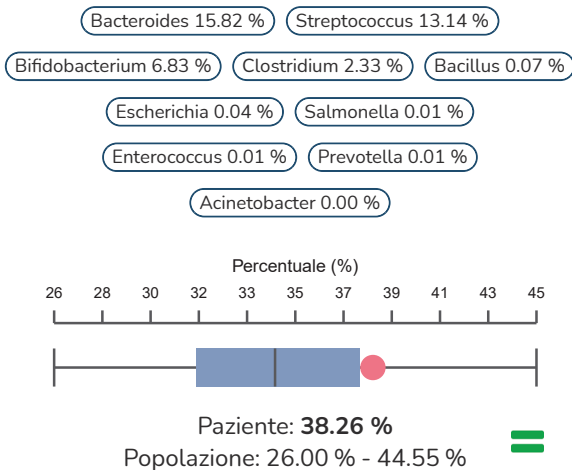
PRODUTTORI DI BUTIRRATO



I produttori di butirrato sono batteri rigorosamente anaerobi che sono in grado di fermentare carboidrati non digeribili. Il Butirrato è coinvolto nell'espressione genica, nel prevenire l'infiammazione, nella differenziazione cellulare e nell'apoptosi. Il butirrato è essenziale per i colonociti poiché è la loro principale fonte di energia. Il metabolismo del butirrato da parte dei colonociti consuma grandi quantità di ossigeno, portando a uno stato di ipossia che mantiene l'equilibrio di ossigeno nell'intestino e previene la disbiosi del microbiota intestinale guidata dall'espansione dei batteri anaerobi facoltativi. Il butirrato ha anche un'attività antiproliferativa sulle cellule tumorali del colon in cui induce l'apoptosi. Inoltre, il butirrato regola i livelli di glucosio attivando la gluconeogenesi intestinale. C'è una crescente evidenza che una bassa abbondanza di produttori di butirrato correla con la presenza di obesità e con la condizione prediabetica.

RIFERIMENTI: DOI:10.1111/J.1574-6968.2009.01514.X, DOI:10.1038/ISMEJ.2011.109, DOI:10.1136/BMJ.K2179, DOI:10.3390/NU10101499, DOI:10.1007/S11892-013-0409-5, DOI:10.1111/J.1365-2036.2007.03562.X, DOI:10.1093/ADVANCES/NMX009

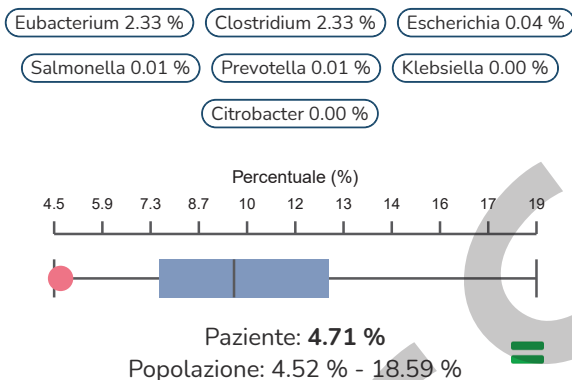
PRODUTTORI DI ACETATO



Insieme al butirrato e al propionato, anche l'acetato è un acido grasso a catena corta (SCFA). Viene parzialmente consumato da alcuni batteri luminali, che a loro volta ne convertono una parte in butirrato. Tuttavia, la maggior parte dell'acetato sfugge ai batteri luminali e raggiunge i tessuti periferici che utilizzeranno l'acetato per il loro metabolismo. L'acetato può essere utilizzato dai tessuti periferici per il metabolismo del colesterolo e la lipogenesi. Inoltre, regola la secrezione di leptina, modulando così l'equilibrio energetico inibendo la sensazione di fame. Livelli eccessivi di acetato nelle diete ad alto contenuto di grassi sono stati correlati con la secrezione di insulina stimolata dal glucosio, favorendo la comparsa di obesità e insulino resistenza.

RIFERIMENTI: DOI:10.1097/MCO.0B013E32833A8B60, DOI:10.1038/NRENDO.2015.128, DOI:10.1080/19490976.2015, DOI:10.1079/PNS2002207, DOI:10.1042/BJ1420401, DOI:10.1038/NATURE18309

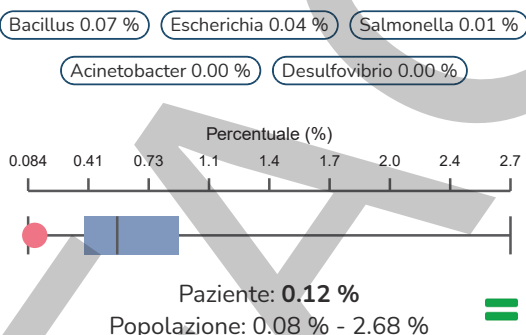
PRODUTTORI DI PROPIONATO



I produttori di propionato sono in grado di fermentare carboidrati non digeribili (elaborati per lo più attraverso le vie del succinato, del propandiole e dell'acrilato a seconda della struttura dello zucchero), oltre a peptidi e aminoacidi. Il propionato, assorbito a livello intestinale, viene veicolato direttamente al fegato dove inibisce la sintesi lipidica poiché riduce l'incorporazione dell'acetato ai trigliceridi diminuendo la loro concentrazione ematica. Inoltre, il propionato induce la gluconeogenesi intestinale e influenza il comportamento alimentare aumentando così la sazietà. Livelli eccessivi di propionato sono stati associati a un graduale aumento di peso e, a lungo termine, alla comparsa di insulino resistenza. Ci sono anche prove che suggeriscono che il propionato giochi un ruolo nel ridurre l'infiammazione e la proliferazione delle cellule tumorali del colon.

RIFERIMENTI: DOI:10.1111/J.1467-3010.2008.00706.X, DOI:10.1111/J.1753-4887.2011.00388.X, DOI:10.1136/GUT.35.1.SUPPL.S35, DOI:10.1038/SMEJ.2014.14, DOI:10.1038/BIC.2012.409

PRODUTTORI DI IDROGENO SOLFORATO (H₂S)



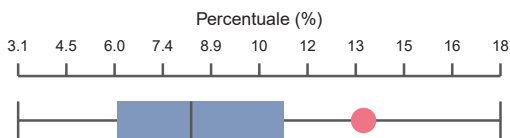
All'idrogeno solforato (H₂S) sono state attribuite diverse funzioni. Attualmente viene utilizzato per il trattamento clinico dell'infiammazione, della trombosi e del cancro poiché è un antitrombotico e un modulatore dell'infiammazione. Nel microbioma intestinale, l'H₂S può ridurre l'infiammazione della mucosa e promuovere la riparazione dei danni ai tessuti. Diversi studi hanno dimostrato che l'H₂S è un mediatore positivo nel sistema circolatorio: fornisce un effetto cardioprotettivo, diminuisce la pressione sanguigna, diminuisce la frequenza cardiaca e causa vasodilatazione. Tuttavia, livelli eccessivi possono essere tossici e provocare un aumento dell'infiammazione. Seguire una dieta ricca di solfati (ad esempio, cavoli, cipolle e funghi) può aumentare l'abbondanza di produttori di idrogeno solforato.

RIFERIMENTI: DOI:10.3390/MOLECULES21111558, DOI:10.1089/ARS.2011.4351, DOI:10.1152/AJP-CELL.00329.2016, DOI:10.1097/MCO.0000000000000526, DOI:10.3390/MICROORGANISMS3040866, DOI:10.1016/J.JARE.2020.03.003

METABOLISMO DELL'ALCOL

BATTERI PRODUTTORI DI ACETALDEIDE

Bifidobacterium 6.83 % Collinsella 3.75 %
 Ruminococcus 2.87 % Prevotella 0.01 %



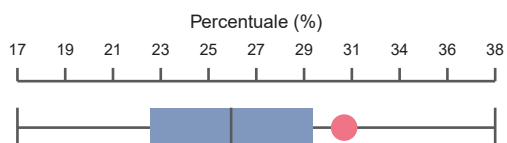
Paziente: **13.46 %**
 Popolazione: 3.10 % - 17.56 %

L'acetaldeide è catalogata come sostanza cancerogena poiché è in grado di formare addotti al DNA possibili promotori di carcinogenesi. L'eccessiva concentrazione di acetaldeide provoca infiammazione e metaplasia dell'epitelio tracheale e questo può essere causa dell'insorgenza di carcinoma della laringe. Oltre al fegato, un altro organo importante per la degradazione dell'etanolo e per la produzione di acetaldeide è l'intestino attraverso il microbioma intestinale. Un'eccessiva concentrazione di acetaldeide può essere collegata a un aumento del rischio di morbidità gastrointestinale, diarrea e cancro al colon.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.ORALONCOLOGY.2006.02.005, DOI:10.1038/NRMICRO3344, DOI:10.1080/13556219772840, DOI:10.1002/(SICI)1097-0215(20000415)86:2<169::AID-IJC4>3.0.CO;2-3

BATTERI CHE DEGRADANO L'ACETALDEIDE

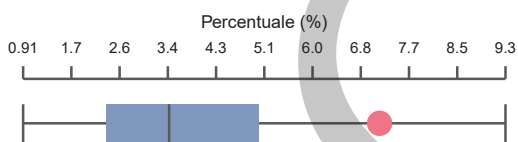
Bacteroides 15.82 % Streptococcus 13.14 %
 Parabacteroides 2.07 % Lactobacillus 0.12 %



Paziente: **31.14 %**
 Popolazione: 17.12 % - 37.62 %

PROBIOTICI

Bifidobacterium 6.83 % Lactococcus 0.12 %
 Lactobacillus 0.12 % Bacillus 0.07 %



Paziente: **7.14 %**
 Popolazione: 0.91 % - 9.34 %

I probiotici sono batteri in grado di modulare il microbiota umano poiché riducono il pH luminale, secernono diversi tipi di composti benefici e proteggono dai patogeni. Competono con quest'ultimi per i nutrienti e ne impediscono l'adesione e l'invasione delle cellule epiteliali sottomucose. Si ipotizza che i probiotici agiscano in tre modi diversi: agendo direttamente sul tratto gastrointestinale attraverso l'interazione con il microbiota e gli enzimi, interagendo con la mucosa, o agendo al di fuori del tratto gastrointestinale (ad es. sul sistema immunitario e su organi come fegato e cervello). Inoltre, i probiotici possono avere effetti benefici diretti fornendo una quota aggiuntiva di enzimi, come la beta-galattosidasi, la cui carenza è causa di intolleranza al lattosio.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.MEDMAL.2013.10.002, DOI:10.1002/MNFR.201600240, DOI:10.1007/S12263-011-0229-7, DOI:10.1016/J.FOODRES.2019.108788, PMID:23426535

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%. È stato riscontrato che i livelli di A. muciniphila sono inversamente correlati con alcune malattie come la malattia infiammatoria intestinale, la colite ulcerosa, il morbo di Crohn, l'obesità e il diabete.

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.

KLEBSIELLA

NELLA MEDIA

Klebsiella è un genere batterico che comprende alcuni patogeni opportunisti che si possono trovare nell'ambiente e nelle superfici delle mucose dei mammiferi. In determinate circostanze, le specie di Klebsiella possono diffondersi rapidamente, causando focolai nosocomiali. Anche se si può trovare nei microbiomi intestinali sani, quando la sua abbondanza aumenta, può causare infezioni del tratto urinario, sepsi, meningite, diarrea e infezioni dei tessuti molli. Le infezioni da Klebsiella sono più comuni nei soggetti molto giovani, molto anziani e nelle persone immunodepresse. 'K. oxytoca' può esprimere beta-lattamasi, essendo così resistente a certi antibiotici come la penicillina.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/B978-008055232-3.60870-0, DOI:10.1086/592074,
DOI:10.1007/S12328-019-00947-1

SALMONELLA

NELLA MEDIA

Le specie di Salmonella sono batteri patogeni gram-negativi intracellulari anaerobi facoltativi e il loro habitat principale è il tratto gastrointestinale degli animali. Le infezioni da Salmonella possono causare intossicazione alimentare, gastroenterite, febbre enterica, febbre tifoide e altre malattie. La Salmonella può contaminare acqua o cibo (specialmente carne, pollame e uova). I sintomi principali dell'infezione sono crampi addominali, diarrea e vomito. I sierotipi di Salmonella sono divisi in tifoidei e non tifoidei. I sierotipi non tifoidei sono più comuni e solitamente causano malattie gastrointestinali autolimitanti. I sierotipi tifoidei includono S. typhi e S. paratyphi A, che sono adattati all'uomo e non si presentano in altri animali.

RIFERIMENTI: DOI:10.1128/AI.00490-17, DOI:10.1038/NI.2608, DOI:10.5772/INTECHOPEN.72192

CLOSTRIDIUM PERFRINGENS

NON RILEVATO

'Clostridium perfringens' è un bacillo che appartiene al genere Clostridium. Alcuni clostridi sono patogeni come il caso di 'C. perfringens'. A seconda del tipo di tossina che produce, nell'uomo, un'infezione da 'C. perfringens' può essere suddivisa in tipo A e tipo C. Il tipo A è il più comune ed è responsabile della cancrena e di solito causa dolore addominale e diarrea entro 6-24 ore dall'infezione. L'infezione si sviluppa nell'intestino tenue. Di solito, la malattia inizia improvvisamente e dura meno di 24 ore. L'infezione di tipo C è oggi rara.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/S0966-842X(98)01430-9, DOI:10.1016/S0168-1605(01)00680-8,
DOI:10.2174/1875414701003010024

ENTEROCOCCUS FAECALIS

NON RILEVATO

'Enterococcus faecalis' è un batterio gram-positivo, anaerobico facoltativo e non sporigeno. Questo batterio può essere trovato nell'ambiente e in altri animali. Ci sono evidenze scientifiche che alcuni ceppi siano resistenti a molti trattamenti antibiotici con conseguenti difficoltà terapeutiche (per es. la capacità di sintetizzare beta-lattamasi lo rende resistente all'ampicillina). E' presente comunemente nel microbiota umano, può diventare un patogeno opportunisto in determinate circostanze, come nelle persone immunodepresse, nei lungodegenti e in pazienti sottoposti ad interventi invasivi o trattati con antibiotici ad ampio spettro. I sintomi dell'infezione sono stanchezza, minzione dolorosa, crampi allo stomaco e vomito.

RIFERIMENTI: DOI:10.1177/1756284818783606, DOI:10.1177/154411130401500506, DOI:10.1016/j.EIMC.2013.08.001, DOI:10.1097/00004770-200405000-00004

CLOSTRIDIODES DIFFICILE

NON RILEVATO


L'infezione da Clostridioides difficile è dovuta all'ingestione delle sue spore resistenti agli acidi gastrici e quindi in grado di raggiungere l'intestino e colonizzare il colon. Le esotossine prodotte da questo batterio (tossine A e B) inducono apoptosi e necrosi delle cellule epiteliali intestinali. L'uso prolungato di antibiotici può causare lo sviluppo dei sintomi dell'infezione da C. Difficile. Questi sintomi normalmente cominciano a comparire dopo 5-10 giorni dall'inizio della terapia antibiotica anche se esistono casi in cui i sintomi possono comparire più precocemente (1-2 giorni) o molto tardivamente (fino a due mesi). Le manifestazioni variano in base al grado di infiammazione, dall'emissione di feci poco compatte alla comparsa di colite pseudomembranosa e diarrea emorragica, accompagnata a dolore, crampi addominali e febbre. I casi più gravi possono portare a disidratazione potenzialmente fatale, ipotensione arteriosa, megacolon tossico e perforazione dell'intestino crasso.

RIFERIMENTI: DOI:10.3390/TOXINS8050134, DOI:10.1016/j.EIMC.2012.12.010, DOI:10.1056/NEJMR1403772, DOI:10.1036/0838585299

AZIONI


É stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri che digeriscono il glutine. Poichè 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.

AZIONI CONSIGLIATE:

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


É stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B12. Questa vitamina è una molecola idrosolubile con ruoli essenziali per la funzionalità del sistema nervoso, per la formazione delle cellule del sangue, e nel metabolismo delle proteine e del DNA. La carenza di vitamina B12 può causare sintomi come anemia, perdita di peso o alterazioni neurologiche.

AZIONI CONSIGLIATE:

 **Consigli nutrizionali:** La vitamina B12 è presente principalmente negli alimenti di origine animale come carne, pesce o latte. Dovresti aumentare il consumo di questi alimenti. Esistono pochissime alternative vegane, quindi è necessario ricorrere a cibi fortificati o all'integrazione. Gli alimenti più ricchi di vitamina B12 adatti ai vegetariani sono il tempeh, cereali, funghi, e alghe (con moderazione).

É stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B2. La vitamina B2, anche chiamata riboflavina, svolge un ruolo importante nella generazione di energia poiché è il precursore dei coenzimi FMN e FAD, che sono essenziali per il metabolismo dei carboidrati, degli amminoacidi e dei lipidi. La sua carenza genera sintomi quali disturbi della pelle, edemi, perdita di capelli o cataratta.

AZIONI CONSIGLIATE:

 **Consigli nutrizionali:** Dovresti aumentare il consumo di latticini fermentati come kefir, latticello, yogurt o formaggio non pastorizzato. Se si desidera un'alternativa vegana puoi optare per prodotti a base di soia fermentata.

É stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B5. La vitamina B5, anche chiamata acido pantotenico, svolge un ruolo essenziale nella respirazione cellulare e nel metabolismo energetico. La carenza di questa vitamina causa disfunzioni biochimiche nel metabolismo e la modificazione delle proteine mediante acetilazione, producendo affaticamento, dolori o disturbi neuromotori.

AZIONI CONSIGLIATE:

🍏 Consigli nutrizionali: Dovresti aumentare il consumo di latticini fermentati come kefir, latticello, yogurt o formaggio non pastorizzato. Se si desidera un'alternativa vegana puoi optare per prodotti a base di soia fermentata.

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.

AZIONI CONSIGLIATE:

🍏 Consigli nutrizionali: 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.

LIMITI DEL TEST

Microbalance Gut 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.

TAVOLA TASSONOMICA

DOMINIO	PHYLUM	GENERE	PAZIENTE (%)	POPOLAZIONE (%)	
Bacteria	Firmicutes	Acetivibrio	0.0038	0.0043 - 0.058	▼
Bacteria	Proteobacteria	Acinetobacter	0.0033	0.0 - 0.44	≡
Bacteria	Actinobacteria	Actinomyces	0.068	0.00028 - 0.21	≡
Bacteria	Actinobacteria	Adlercreutzia	0.11	0.0 - 0.00020	▲
Bacteria	Proteobacteria	Aeromonas	0.013	0.0 - 0.015	≡
Bacteria	Firmicutes	Agathobacter	0.0016	0.0 - 0.11	≡
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes	0.10	0.74 - 3.77	▼
Bacteria	Firmicutes	Alkaliphilus	0.0016	0.0 - 0.00053	▲
Bacteria	Firmicutes	Allisonella	0.028	0.0 - 0.10	≡
Bacteria	Firmicutes	Anaerobium	0.055	0.0 - 0.029	▲
Bacteria	Firmicutes	Anaerocolumna	0.0033	0.000066 - 0.0084	≡
Bacteria	Firmicutes	Anaeromassilibacillus	0.014	0.0044 - 0.067	≡
Bacteria	Firmicutes	Anaerosporebacter	0.0098	0.00050 - 0.071	≡
Bacteria	Firmicutes	Anaerostipes	1.47	0.24 - 1.56	≡
Bacteria	Firmicutes	Anaerotaenia	0.043	0.0 - 0.0036	▲
Bacteria	Firmicutes	Anaerovorax	0.0043	0.000021 - 0.0055	≡
Bacteria	Firmicutes	Anoxytatronum	0.0011	0.0 - 0.0	▲
Bacteria	Actinobacteria	Arcanobacterium	0.0016	0.0 - 0.0026	≡
Bacteria	Actinobacteria	Atopobium	0.0043	0.0 - 0.032	≡
Bacteria	Firmicutes	Bacillus	0.067	0.014 - 0.73	≡
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides	15.82	14.59 - 34.32	≡
Bacteria	Firmicutes	Bariatricus	0.0054	0.0 - 0.016	≡
Bacteria	Proteobacteria	Basfia	0.11	0.0 - 0.0	▲
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium	6.83	0.12 - 3.95	▲
Bacteria	Proteobacteria	Bilophila	1.78	0.041 - 0.47	▲
Bacteria	Firmicutes	Bittarella	0.0038	0.00023 - 0.011	≡
Bacteria	Firmicutes	Blautia	3.87	0.71 - 3.87	≡
Bacteria	Firmicutes	Brevibacillus	0.0011	0.00012 - 0.014	≡
Bacteria	Firmicutes	Bulleidia	0.0011	0.0 - 0.00071	▲
Bacteria	Firmicutes	Butyricoccus	0.15	0.11 - 0.67	≡

Bacteria	Firmicutes	Butyrivibrio	0.017	0.043 - 1.35	▼
Bacteria	Proteobacteria	Candidatus Marithrix	0.0027	0.0 - 0.0	▲
Bacteria	Candidatus Saccharibacteria	Candidatus Saccharimonas	0.0027	0.0 - 0.0	▲
Bacteria	Firmicutes	Candidatus Stoquefichus	0.0098	0.0 - 0.015	▬
Bacteria	Firmicutes	Caproiciproducens	0.0092	0.0093 - 0.098	▼
Bacteria	Firmicutes	Catonella	0.0038	0.000061 - 0.012	▬
Bacteria	Proteobacteria	Chelonobacter	0.0011	0.0 - 0.0	▲
Bacteria	Firmicutes	Christensenella	0.037	0.00053 - 0.012	▲
Bacteria	Proteobacteria	Citrobacter	0.0022	0.0 - 0.72	▬
Bacteria	Firmicutes	Clostridium	2.33	1.25 - 4.63	▬
Bacteria	Firmicutes	Colidextribacter	0.012	0.0086 - 0.084	▬
Bacteria	Actinobacteria	Collinsella	3.75	0.0025 - 0.34	▲
Bacteria	Firmicutes	Coprobacillus	0.14	0.0 - 0.13	▲
Bacteria	Firmicutes	Coprococcus	0.29	0.13 - 1.53	▬
Bacteria	Actinobacteria	Corynebacterium	0.0022	0.0 - 0.43	▬
Bacteria	Proteobacteria	Cronobacter	0.0049	0.0 - 0.020	▬
Bacteria	Proteobacteria	Dakarella	0.18	0.0 - 0.22	▬
Bacteria	Proteobacteria	Desulfovibrio	0.0016	0.0012 - 0.36	▬
Bacteria	Firmicutes	Dialister	0.67	0.13 - 3.23	▬
Bacteria	Firmicutes	Dorea	1.82	0.34 - 1.25	▲
Bacteria	Firmicutes	Drancourtella	0.0049	0.0 - 0.0032	▲
Bacteria	Proteobacteria	Edwardsiella	0.0011	0.0 - 0.00055	▲
Bacteria	Actinobacteria	Eggerthella	0.015	0.0013 - 0.072	▬
Bacteria	Firmicutes	Eisenbergiella	0.020	0.00015 - 0.23	▬
Bacteria	Proteobacteria	Enterobacter	0.0087	0.000065 - 0.076	▬
Bacteria	Firmicutes	Enterococcus	0.0071	0.0 - 0.63	▬
Bacteria	Actinobacteria	Enterorhabdus	0.0087	0.0 - 0.0016	▲
Bacteria	Firmicutes	Erysipelatoclostridium	0.012	0.0061 - 0.33	▬
Bacteria	Proteobacteria	Escherichia	0.039	0.019 - 0.42	▬
Bacteria	Firmicutes	Eubacterium	2.33	1.26 - 3.84	▬
Bacteria	Firmicutes	Exiguobacterium	0.0011	0.0 - 0.0038	▬
Bacteria	Firmicutes	Faecalibacterium	3.08	5.68 - 15.26	▼
Bacteria	Firmicutes	Faecalicatena	0.043	0.0033 - 0.081	▬
Bacteria	Firmicutes	Falcatimonas	0.011	0.00088 - 0.012	▬
Bacteria	Firmicutes	Finegoldia	0.0022	0.00084 - 0.94	▬

Bacteria	Firmicutes	Flavonifractor	0.080	0.025 - 0.42	=
Bacteria	Firmicutes	Flintibacter	0.0011	0.0075 - 0.062	▼
Bacteria	Firmicutes	Fusicatenibacter	0.59	0.0 - 0.45	▲
Bacteria	Proteobacteria	Gallibacterium	0.0071	0.0 - 0.00049	▲
Bacteria	Firmicutes	Gemella	0.010	0.0 - 0.11	=
Bacteria	Firmicutes	Gemmiger	0.69	0.21 - 1.84	=
Bacteria	Actinobacteria	Gordonibacter	0.030	0.00056 - 0.019	▲
Bacteria	Firmicutes	Granulicatella	0.0011	0.0 - 0.079	=
Bacteria	Proteobacteria	Haemophilus	0.15	0.0021 - 1.17	=
Bacteria	Firmicutes	Herbinix	0.0022	0.00080 - 0.095	=
Bacteria	Firmicutes	Hespellia	0.021	0.0 - 0.22	=
Bacteria	Firmicutes	Hungatella	0.0049	0.011 - 0.31	▼
Bacteria	Firmicutes	Ihubacter	0.0049	0.0023 - 0.052	=
Bacteria	Firmicutes	Intestinibacillus	0.017	0.00022 - 0.031	=
Bacteria	Firmicutes	Intestinibacter	0.0098	0.0 - 0.12	=
Bacteria	Firmicutes	Intestinimonas	0.021	0.053 - 0.27	▼
Bacteria	Proteobacteria	Klebsiella	0.0022	0.0 - 0.060	=
Bacteria	Proteobacteria	Kluyvera	0.0011	0.0 - 0.0022	=
Bacteria	Firmicutes	Lachnoanaerobaculum	0.0033	0.0 - 0.0095	=
Bacteria	Firmicutes	Lachnobacterium	0.0043	0.000068 - 0.12	=
Bacteria	Firmicutes	Lachnoclostridium	0.35	0.44 - 1.83	▼
Bacteria	Firmicutes	Lachnospira	0.16	0.17 - 1.26	▼
Bacteria	Firmicutes	Lactobacillus	0.12	0.0078 - 1.52	=
Bacteria	Firmicutes	Lactococcus	0.12	0.0 - 0.15	=
Bacteria	Firmicutes	Lactonifactor	0.021	0.011 - 0.10	=
Bacteria	Firmicutes	Leuconostoc	0.023	0.0 - 0.034	=
Bacteria	Proteobacteria	Mangrovibacter	0.0016	0.0 - 0.0	▲
Bacteria	Firmicutes	Marseillibacter	0.076	0.10 - 0.71	▼
Bacteria	Firmicutes	Marvinbryantia	0.0011	0.00033 - 0.047	=
Bacteria	Firmicutes	Massilioclostridium	0.0027	0.00087 - 0.020	=
Bacteria	Firmicutes	Mobilisporobacter	0.0016	0.0 - 0.00078	▲
Bacteria	Actinobacteria	Mobiluncus	0.0016	0.0 - 0.0034	=
Bacteria	Firmicutes	Mogibacterium	0.0076	0.0 - 0.0078	=
Bacteria	Firmicutes	Mordavella	0.011	0.0 - 0.00061	▲
Bacteria	Firmicutes	Moryella	0.0060	0.0 - 0.11	=

Bacteria	Firmicutes	Murimonas	0.0087	0.0 - 0.014	=
Bacteria	Firmicutes	Natranaerovirga	0.024	0.00040 - 0.0081	▲
Bacteria	Firmicutes	Neofamilia	0.0011	0.0 - 0.00071	▲
Bacteria	Actinobacteria	Nocardia	0.0016	0.0 - 0.0034	=
Bacteria	Bacteroidetes	Odoribacter	0.21	0.025 - 0.28	=
Bacteria	Firmicutes	Okadaella	0.0054	0.0 - 0.0	▲
Bacteria	Firmicutes	Oribacterium	0.090	0.014 - 0.23	=
Bacteria	Firmicutes	Oscillibacter	0.47	0.12 - 0.54	=
Bacteria	Firmicutes	Oscillospira	0.042	0.16 - 1.06	▼
Bacteria	Firmicutes	Paeniclostridium	0.047	0.0 - 0.0024	▲
Bacteria	Firmicutes	Papillibacter	0.0065	0.0056 - 0.036	=
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides	2.07	0.86 - 3.72	=
Bacteria	Firmicutes	Paraclostridium	0.011	0.0 - 0.00016	▲
Bacteria	Proteobacteria	Parasutterella	0.026	0.032 - 0.89	▼
Bacteria	Actinobacteria	Parvibacter	0.0011	0.0 - 0.0031	=
Bacteria	Proteobacteria	Pasteurella	0.0043	0.0 - 0.00047	▲
Bacteria	Firmicutes	Peptostreptococcus	0.0022	0.00079 - 0.057	=
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella	0.0065	0.18 - 15.33	▼
Bacteria	Firmicutes	Pseudobutyryvibrio	0.024	0.022 - 0.096	=
Bacteria	Firmicutes	Pseudoflavonifractor	0.0027	0.0047 - 0.054	▼
Bacteria	Firmicutes	Robinsoniella	0.096	0.00022 - 0.073	▲
Bacteria	Firmicutes	Roseburia	3.42	2.14 - 7.89	=
Bacteria	Actinobacteria	Rothia	0.0027	0.0 - 0.59	=
Bacteria	Firmicutes	Ruminiclostridium	0.25	0.017 - 1.24	=
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus	2.87	1.30 - 4.91	=
Bacteria	Firmicutes	Ruthenibacterium	0.0054	0.0070 - 0.48	▼
Bacteria	Proteobacteria	Salmonella	0.0098	0.0 - 0.040	=
Bacteria	Firmicutes	Serpentinicella	0.0087	0.0 - 0.0	▲
Bacteria	Proteobacteria	Serratia	0.0022	0.0 - 0.047	=
Bacteria	Proteobacteria	Shigella	0.0011	0.00031 - 0.035	=
Bacteria	Firmicutes	Shuttleworthia	0.0027	0.0 - 0.0041	=
Bacteria	Actinobacteria	Slackia	0.0022	0.000064 - 0.042	=
Bacteria	Proteobacteria	Sodalis	0.0011	0.0 - 0.00013	▲
Bacteria	Firmicutes	Solobacterium	0.0065	0.0 - 0.025	=
Bacteria	Firmicutes	Sporobacter	0.014	0.0029 - 0.11	=

Bacteria	Firmicutes	Streptococcus	13.14	0.024 - 2.12	▲
Bacteria	Firmicutes	Subdoligranulum	0.13	0.010 - 0.28	≡
Bacteria	Proteobacteria	Sutterella	0.70	0.024 - 0.83	≡
Bacteria	Firmicutes	Syntrophococcus	0.014	0.00016 - 0.015	≡
Bacteria	Firmicutes	Turicibacter	0.099	0.00026 - 0.13	≡
Bacteria	Firmicutes	Tyzzereella	0.062	0.017 - 0.90	≡
Bacteria	Actinobacteria	Varibaculum	0.0022	0.0 - 0.13	≡
Bacteria	Firmicutes	Veillonella	0.058	0.00060 - 1.16	≡
Bacteria	Proteobacteria	Vibrio	0.0011	0.0 - 0.0024	≡
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Actinobacteria(c)	0.21	0.0027 - 0.23	≡
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Actinobacteria(p)	0.034	0.00078 - 0.12	≡
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Actinomycetaceae(f)	0.015	0.0 - 0.0098	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Actinomycetales(o)	0.0076	0.0 - 0.00033	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Aeromonadaceae(f)	0.0011	0.0 - 0.00027	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Aeromonadales(o)	0.0022	0.0 - 0.0031	≡
Bacteria	Firmicutes	unkn. Alicyclobacillaceae(f)	0.0081	0.0 - 0.0021	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Alphaproteobacteria(c)	0.0011	0.00095 - 0.25	≡
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Atopobiaceae(f)	0.0016	0.0 - 0.0032	≡
Bacteria	Firmicutes	unkn. Bacillaceae(f)	0.096	0.0013 - 0.18	≡
Bacteria	Firmicutes	unkn. Bacillales(o)	0.073	0.0097 - 0.35	≡
Bacteria	Firmicutes	unkn. Bacilli(c)	0.13	0.017 - 0.25	≡
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	unkn. Bacteria(d)	1.76	0.54 - 2.99	≡
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroidaceae(f)	0.14	0.024 - 0.18	≡
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroidales(o)	0.15	0.20 - 2.11	▼
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroidetes(p)	0.035	0.16 - 1.84	▼
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroidia(c)	0.27	0.027 - 1.08	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Betaproteobacteria(c)	0.0060	0.013 - 0.18	▼
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Bifidobacteriaceae(f)	0.33	0.00021 - 0.0087	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Bifidobacteriales(o)	0.32	0.0 - 0.0044	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Burkholderiales(o)	0.015	0.0014 - 0.19	≡
Bacteria	Firmicutes	unkn. Christensenellaceae(f)	0.0027	0.0 - 0.0029	≡
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridia(c)	0.54	0.75 - 2.74	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridiaceae(f)	0.34	0.17 - 0.69	≡
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridiales Family XIII. Incertae Sedis(f)	0.0076	0.0053 - 0.044	≡
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridiales(o)	11.62	4.09 - 8.44	▲

Bacteria	Actinobacteria	unkn. Coriobacteriaceae(f)	0.046	0.0096 - 0.17	=
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Coriobacteriales(o)	0.053	0.000049 - 0.0099	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Coriobacteriia(c)	0.089	0.0075 - 0.086	▲
Bacteria	Cyanobacteria	unkn. Cyanobacteria(p)	0.0011	0.0015 - 0.056	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Defluviitaleaceae(f)	0.0011	0.0 - 0.00017	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Deltaproteobacteria(c)	0.021	0.0016 - 0.027	=
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfovibrionaceae(f)	0.040	0.000067 - 0.022	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfovibrionales(o)	0.035	0.000079 - 0.0099	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Eggerthellaceae(f)	0.23	0.0075 - 0.077	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Eggerthellales(o)	0.036	0.0 - 0.011	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Enterobacteriales(o)	0.025	0.0053 - 1.07	=
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Enterobacteriaceae(f)	0.19	0.068 - 1.46	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Enterococcaceae(f)	0.0049	0.0 - 0.010	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Erysipelotrichaceae(f)	0.041	0.00082 - 0.056	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Erysipelotrichales(o)	0.036	0.000032 - 0.0096	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Erysipelotrichia(c)	0.010	0.0 - 0.034	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Eubacteriaceae(f)	0.085	0.18 - 1.32	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Firmicutes(p)	0.22	0.87 - 2.90	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Gammaproteobacteria(c)	0.073	0.0084 - 0.26	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lachnospiraceae(f)	5.98	0.74 - 2.27	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lactobacillaceae(f)	0.0081	0.0012 - 0.093	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lactobacillales(o)	0.84	0.0055 - 0.30	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Leuconostocaceae(f)	0.0011	0.0 - 0.0032	=
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Micrococcaceae(f)	0.0011	0.0 - 0.040	=
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Micrococcales(o)	0.0022	0.0 - 0.034	=
Bacteria	Tenericutes	unkn. Mollicutes(c)	0.0016	0.00074 - 0.087	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Negativicutes(c)	0.0065	0.000049 - 0.016	=
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Odoribacteraceae(f)	0.016	0.0 - 0.020	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Oscillospiraceae(f)	0.037	0.085 - 0.99	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Paenibacillaceae(f)	0.0038	0.0 - 0.0042	=
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pasteurellaceae(f)	0.045	0.0 - 0.11	=
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pasteurellales(o)	0.0033	0.0 - 0.0031	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Peptococcaceae(f)	0.0011	0.00018 - 0.0076	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Peptostreptococcaceae(f)	0.033	0.0 - 0.021	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Porphyromonadaceae(f)	0.035	0.0077 - 0.088	=

Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Prevotellaceae(f)	0.0011	0.0038 - 0.61	▼
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Propionibacteriaceae(f)	0.0016	0.0 - 0.0099	=
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Proteobacteria(p)	0.016	0.029 - 0.98	▼
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Rikenellaceae(f)	0.0038	0.00040 - 0.37	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Ruminococcaceae(f)	2.82	0.68 - 2.24	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Streptococcaceae(f)	0.77	0.0052 - 0.16	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sutterellaceae(f)	0.024	0.00010 - 0.047	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Veillonellaceae(f)	0.029	0.000091 - 0.053	=
Bacteria	Firmicutes	unkn. Veillonellales(o)	0.0076	0.000032 - 0.016	=
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Vibrionaceae(f)	0.0043	0.0 - 0.0015	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Vibrionales(o)	0.0016	0.0 - 0.00021	▲

Livello di rilevamento fino al: 0.001 % di abbondanza di batteri

IN ASSENZA DEL GENERE, INDICA IL GRUPPO TASSONOMICO RILEVATO

unkn: genere non identificato - f: famiglia - o: ordine - c: classe - p: phylum