

## ID REPORT

**578743**

**Età**

33

**Sesso**

F

**Analisi**

WGS Intestinale

**Data Report**

2025-07-24

**Miobioma Intestinal Care** è il test che valuta lo stato di salute del microbioma intestinale, attraverso un'analisi dell'intero genoma (Whole Genome Sequencing) eseguita in NGS (Next Generation Sequencing). Il test ha la finalità di andare a diagnosticare l'eventuale disbiosi intestinale, associata a conseguenze quali disturbi digestivi (come gonfiore, irregolarità intestinale, sindrome dell'intestino irritabile), infiammazione, alterazioni del sistema immunitario e potenziali impatti sulla salute generale. Il test può rilevare, inoltre, la presenza di patogeni opportunisti presenti nell'intestino. Un microbiota intestinale in eubiosi contribuisce a una corretta funzione digestiva, a un sistema immunitario efficiente e al benessere generale.



## INDICI DI DIVERSITA'

| Parametro                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   | Risultato     |   | Popolazione            |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------|---|------------------------|
| <b>Similarità</b><br>(bray-curtis)                                                                                                                                                                                                                                                                                          | <b>0.24</b>   | ● | <b>0.2228 ~ 0.5504</b> |
| L'indice di Similarità misura quanto la composizione microbica del campione sia simile a quella di una popolazione intestinale di riferimento. Valori elevati indicano una maggiore aderenza alla media del microbiota considerato sano, suggerendo un profilo più equilibrato e in linea con la norma.                     |               |   |                        |
| <b>Diversità</b><br>(shannon index)                                                                                                                                                                                                                                                                                         | <b>3.0982</b> | ● | <b>1.989 ~ 3.8383</b>  |
| L'indice di Shannon quantifica la diversità del microbiota intestinale, tenendo conto sia del numero di specie presenti sia della loro distribuzione. Un valore elevato riflette un ecosistema microbico ricco ed equilibrato, solitamente associato a maggiore stabilità, resilienza e benessere intestinale.              |               |   |                        |
| <b>Gram+/Gram-</b><br>(ratio)                                                                                                                                                                                                                                                                                               | <b>0.5256</b> | ● | <b>0.155 ~ 2.9042</b>  |
| Questo indice rappresenta il rapporto tra batteri Gram-positivi e Gram-negativi, un parametro importante per valutare l'equilibrio della comunità batterica intestinale. Un rapporto bilanciato è fondamentale per il mantenimento dell'integrità della barriera intestinale e per una corretta risposta immunitaria.       |               |   |                        |
| <b>Aerobi/Anaerobi</b><br>(ratio)                                                                                                                                                                                                                                                                                           | <b>0.0352</b> | ● | <b>0.0019 ~ 0.2673</b> |
| Questo indice misura il rapporto tra batteri aerobici e anaerobici, fondamentale per valutare l'equilibrio metabolico dell'ambiente intestinale. Alterazioni significative di questo rapporto possono segnalare disbiosi o variazioni nella disponibilità di ossigeno, influenzando negativamente la salute dell'intestino. |               |   |                        |

| Parametro                                                                                                                                                                                                                                                                         | Risultato          |                                                                                       | Popolazione            |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------|---------------------------------------------------------------------------------------|------------------------|
| <b>Bacillota/Bacteroidota</b><br>(ratio)                                                                                                                                                                                                                                          | <b>0.5408</b>      |    | <b>0.1616 ~ 2.902</b>  |
| Questo indice confronta due phyla dominanti del microbiota intestinale. Uno squilibrio nel rapporto può segnalare alterazioni nella composizione microbica associate a stati di disbiosi, con impatti sul metabolismo e sulla salute generale.                                    |                    |                                                                                       |                        |
| <b>Pathobiont/Symbiont</b><br>(ratio)                                                                                                                                                                                                                                             | <b>0.048</b>       |    | <b>0.0043 ~ 0.2589</b> |
| Valuta l'equilibrio tra batteri potenzialmente patogeni (patobionti) e benefici (simbionti). Un rapporto alterato può suggerire una predisposizione alla disbiosi e un maggiore rischio di disturbi intestinali.                                                                  |                    |                                                                                       |                        |
| <b>Prevotella/bacteroides</b><br>(ratio)                                                                                                                                                                                                                                          | <b>0</b>           |    | <b>0 ~ 0.426</b>       |
| Il rapporto tra questi due generi batterici riflette diversi profili alimentari e stili di vita. Cambiamenti significativi possono indicare variazioni nella dieta, nel metabolismo o nello stato di salute dell'intestino.                                                       |                    |                                                                                       |                        |
| <b>Enterotipo</b>                                                                                                                                                                                                                                                                 | <b>Bacteroides</b> |    |                        |
| Classifica il microbioma in base alla predominanza relativa di alcuni generi chiave (Bacteroides, Prevotella, Ruminococcus). Fornisce un'indicazione generale sulla struttura del microbiota e le possibili implicazioni dietetiche o cliniche.                                   |                    |                                                                                       |                        |
| <b>GMHI</b>                                                                                                                                                                                                                                                                       | <b>0.76</b>        |  | <b>&gt; 0</b>          |
| Il GMHI (Gut Microbiome Health Index) è un indice sintetico che stima lo stato di salute intestinale basandosi sulla presenza e abbondanza di specie microbiche associate a benessere o malattia. Valori più alti suggeriscono un microbiota in equilibrio e in buone condizioni. |                    |                                                                                       |                        |



## Abbondanza di Gruppi Batterici Specifici

| Parametro                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | Risultato      |   | Popolazione             |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------|---|-------------------------|
| <b>Pseudomonadota</b><br>(proteobatteri)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          | <b>2.8489</b>  | ● | <b>0.0551 ~ 9.7703</b>  |
| Questo phylum include numerose specie con ruoli chiave nel metabolismo e nella risposta immunitaria. Un'abbondanza elevata può riflettere squilibri del microbiota, spesso associati a infiammazione o disbiosi, a seconda delle specie presenti.                                                                                                                 |                |   |                         |
| <b>Actinomycetota</b><br>(attinobatteri)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          | <b>0.545</b>   | ● | <b>0.0512 ~ 8.4881</b>  |
| Comprende batteri coinvolti nella degradazione di composti complessi e nella produzione di metaboliti utili. La loro presenza contribuisce alla diversità microbica e al buon funzionamento del metabolismo intestinale                                                                                                                                           |                |   |                         |
| <b>Fusobacterium nucleatum/<br/>Faecalibacterium prausnitzii</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                  | <b>0</b>       | ● | <b>0 ~ 0.0017</b>       |
| Un rapporto elevato tra Fusobacterium nucleatum e Faecalibacterium prausnitzii può indicare uno squilibrio del microbiota intestinale, associato a stati infiammatori, disbiosi e un potenziale aumento del rischio per disturbi intestinali o condizioni croniche.                                                                                               |                |   |                         |
| <b>Marker di SIBO</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             | <b>1.88</b>    | ● | <b>0.0875 ~ 14.8939</b> |
| Questo indice suggerisce la possibile presenza di una sovracrescita batterica nell'intestino tenue. Valori elevati possono indicare un rischio aumentato di sintomi digestivi, fermentazione anomala e alterato assorbimento dei nutrienti.                                                                                                                       |                |   |                         |
| <b>Produttori di Metano</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       | <b>0</b>       | ● | <b>0 ~ 0.4369</b>       |
| Rappresenta la quantità di batteri metanogeni presenti nel microbiota. La produzione di metano può influenzare la motilità intestinale e, se elevata, essere associata a gonfiore o stitichezza.                                                                                                                                                                  |                |   |                         |
| <b>Akkermansia muciniphila</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    | <b>18.5934</b> | ● | <b>0 ~ 0.8959</b>       |
| Batterio benefico che contribuisce alla salute della barriera intestinale e al metabolismo. Valori adeguati sono positivi, ma un'elevata abbondanza può indicare un consumo eccessivo del muco intestinale, soprattutto in caso di dieta povera in fibre o bassa diversità microbica. Va interpretato nel contesto generale del microbioma e dello stile di vita. |                |   |                         |
| <b>Negativicutes</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              | <b>1.2665</b>  | ● | <b>0.0182 ~ 4.689</b>   |
| I Negativicutes sono un gruppo di batteri Gram-negativi appartenenti al phylum Firmicutes, insoliti per la loro parete cellulare. Alcuni membri sono commensali intestinali, altri potenzialmente associati a disbiosi e infiammazione in condizioni patologiche.                                                                                                 |                |   |                         |



## Produzione di Metaboliti e Sostanze Bioattive

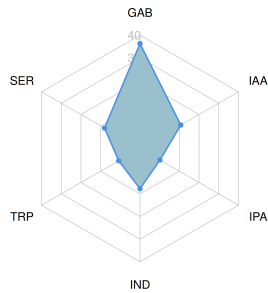
| Parametro                                                                                                                                                                                                                                                            | Risultato    |   | Popolazione             |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------|---|-------------------------|
| <b>Produttori di LPS</b>                                                                                                                                                                                                                                             | <b>3.27</b>  | ● | <b>0.0123 ~ 1.5387</b>  |
| L'indice dei Produttori di LPS misura i batteri che generano lipopolisaccaridi, molecole pro-infiammatorie legate a disbiosi, permeabilità intestinale e disturbi metabolici se presenti in eccessiva quantità.                                                      |              |   |                         |
| <b>Produttori di Istamina</b>                                                                                                                                                                                                                                        | <b>0.53</b>  | ● | <b>0.0537 ~ 2.2808</b>  |
| L'indice dei Produttori di Istamina indica la presenza di batteri capaci di sintetizzare istamina, molecola coinvolta in infiammazioni, allergie e disturbi intestinali quando prodotta in eccesso.                                                                  |              |   |                         |
| <b>Produttori di GABA</b>                                                                                                                                                                                                                                            | <b>40.81</b> | ● | <b>3.0697 ~ 23.1703</b> |
| L'indice dei Produttori di GABA (acido gamma-amminobutirrico) valuta la presenza di batteri che producono GABA, un neurotrasmettitore con effetti calmanti e benefici su umore, stress e salute intestinale.                                                         |              |   |                         |
| <b>Produttori di <math>\beta</math>-glucuronidasi</b>                                                                                                                                                                                                                | <b>11.52</b> | ● | <b>0.1069 ~ 2.9819</b>  |
| L'indice dei Produttori di $\beta$ -glucuronidasi misura i batteri che producono l'enzima $\beta$ -glucuronidasi, coinvolto nella riattivazione di sostanze tossiche e ormoni, potenzialmente associato a infiammazioni e squilibri ormonali se presente in eccesso. |              |   |                         |
| <b>Produttori di Acetato</b>                                                                                                                                                                                                                                         | <b>39.01</b> | ● | <b>2.7733 ~ 18.5625</b> |
| L'indice dei Produttori di Acetato valuta la presenza di batteri che generano acetato, un acido grasso a catena corta utile per l'energia cellulare, l'integrità intestinale e l'equilibrio del microbiota.                                                          |              |   |                         |
| <b>Produttori di Propionato</b>                                                                                                                                                                                                                                      | <b>36.06</b> | ● | <b>2.0038 ~ 16.6739</b> |
| L'indice dei Produttori di Propionato misura i batteri che producono propionato, un acido grasso a catena corta con effetti benefici su metabolismo, infiammazione e salute intestinale.                                                                             |              |   |                         |
| <b>Produttori di Succinato</b>                                                                                                                                                                                                                                       | <b>53.69</b> | ● | <b>2.5928 ~ 23.4403</b> |
| L'indice dei Produttori di Succinato valuta la presenza di batteri che producono succinato, un metabolita intermedio con possibili effetti pro-infiammatori se accumulato, ma anche coinvolto nel metabolismo energetico intestinale.                                |              |   |                         |

| Parametro                                                                                                                                                                                                                                                                                         | Risultato    |                                                                                       | Popolazione             |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------|---------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------|
| <b>Produttori di Lattato</b>                                                                                                                                                                                                                                                                      | <b>0.49</b>  |    | <b>0.1113 ~ 3.8772</b>  |
| L'indice dei Produttori di Lattato misura i batteri che producono lattato, un metabolita utile al metabolismo intestinale ma che, se in eccesso, può favorire disbiosi e acidificazione dell'ambiente intestinale.                                                                                |              |                                                                                       |                         |
| <b>Produttori di Indolo</b>                                                                                                                                                                                                                                                                       | <b>8.7</b>   |    | <b>0.9784 ~ 12.8074</b> |
| L'indice dei Produttori di Indolo valuta la presenza di batteri che sintetizzano indolo, derivato del triptofano con effetti benefici su barriera intestinale, infiammazione e comunicazione intestino-cervello, ma potenzialmente tossico se prodotto in eccesso.                                |              |                                                                                       |                         |
| <b>Produttori di Butirrato</b>                                                                                                                                                                                                                                                                    | <b>6</b>     |    | <b>1.575~ 13.1235</b>   |
| Misura la presenza di batteri che producono butirrato, un acido grasso con funzione energetica per le cellule del colon e con proprietà antinfiammatorie. Livelli adeguati sono associati a un intestino sano e funzionale.                                                                       |              |                                                                                       |                         |
| <b>Produttori di IAA</b>                                                                                                                                                                                                                                                                          | <b>12.06</b> |    | <b>1.5099 ~ 14.1229</b> |
| L'indice dei Produttori di IAA (acido indolacetico) misura i batteri che producono acido indolacetico (IAA), un metabolita del triptofano che può influenzare infiammazione, permeabilità intestinale e segnalazione intestino-cervello, con effetti variabili a seconda della quantità prodotta. |              |                                                                                       |                         |
| <b>Produttori di Triptamina</b>                                                                                                                                                                                                                                                                   | <b>0.93</b>  |  | <b>0.2936 ~ 5.1221</b>  |
| L'indice dei Produttori di Triptamina valuta i batteri che convertono il triptofano in triptamina, una molecola neuromodulatrice che può influenzare motilità intestinale, permeabilità e comunicazione intestino-cervello, con effetti benefici o negativi a seconda della concentrazione.       |              |                                                                                       |                         |
| <b>Produttori di Serotonina</b>                                                                                                                                                                                                                                                                   | <b>9.02</b>  |  | <b>1.4418 ~ 13.0438</b> |
| L'indice dei Produttori di Serotonina misura i batteri coinvolti nella sintesi di serotonina, neurotrasmettitore chiave per regolazione dell'umore, motilità intestinale e benessere generale, con effetti positivi se mantenuto in equilibrio.                                                   |              |                                                                                       |                         |
| <b>Produttori di TMA</b>                                                                                                                                                                                                                                                                          | <b>0.41</b>  |  | <b>0.1938 ~ 2.4374</b>  |
| L'indice dei Produttori di TMA valuta la presenza di batteri che producono trimetilammina (TMA), composto associato a disbiosi e rischio cardiovascolare, in quanto precursore della TMAO, metabolita potenzialmente pro-aterogeno se prodotto in eccesso.                                        |              |                                                                                       |                         |
| <b>Produttori di Polifenoli</b>                                                                                                                                                                                                                                                                   | <b>9.32</b>  |  | <b>1.6519 ~ 13.6344</b> |
| L'indice dei Produttori di Polifenoli misura i batteri capaci di metabolizzare polifenoli alimentari in composti bioattivi, con effetti antiossidanti, antinfiammatori e benefici per la salute intestinale e sistemica.                                                                          |              |                                                                                       |                         |

| Parametro                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              | Risultato    |                                                                                       | Popolazione             |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------|---------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------|
| <b>Produttori di Vitamine B</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | <b>12.89</b> |    | <b>2.452 ~ 14.2139</b>  |
| L'indice dei Produttori di Vitamina B valuta la presenza di batteri intestinali in grado di sintetizzare vitamine del gruppo B, fondamentali per metabolismo energetico, funzione neurologica, sintesi di neurotrasmettitori e benessere generale.                                                                                     |              |                                                                                       |                         |
| <b>Degradatori del Glutine</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | <b>8.85</b>  |    | <b>1.0654 ~ 12.5307</b> |
| L'indice dei Degradatori del Glutine misura i batteri capaci di degradare il glutine in peptidi meno immunogeni, potenzialmente utili per ridurre reazioni avverse nei soggetti sensibili o con alterata tolleranza al glutine.                                                                                                        |              |                                                                                       |                         |
| <b>Mucolisi</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | <b>53.94</b> |    | <b>6.9969 ~ 24.8576</b> |
| L'indice di Mucolisi valuta la presenza di batteri che degradano il muco intestinale, una barriera protettiva essenziale; un'attività eccessiva può compromettere l'integrità intestinale e favorire infiammazioni e disbiosi.                                                                                                         |              |                                                                                       |                         |
| <b>Proteolisi</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      | <b>22.26</b> |    | <b>0.9682 ~ 6.7257</b>  |
| L'indice di Proteolisi misura i batteri che degradano proteine alimentari o endogene; un'eccessiva attività proteolitica può generare metaboliti tossici, favorire infiammazione intestinale e alterare l'equilibrio del microbiota.                                                                                                   |              |                                                                                       |                         |
| <b>Produttori di Idrogeno Solfurato (H<sub>2</sub>S)</b>                                                                                                                                                                                                                                                                               | <b>19.36</b> |  | <b>0.1732 ~ 3.7684</b>  |
| L'indice dei Produttori di H <sub>2</sub> S valuta la presenza di batteri che producono idrogeno solforato (H <sub>2</sub> S); sebbene questo gas svolga un ruolo protettivo a basse concentrazioni, una sua produzione eccessiva può danneggiare la barriera intestinale, risultare tossica per le cellule e favorire l'infiammazione |              |                                                                                       |                         |

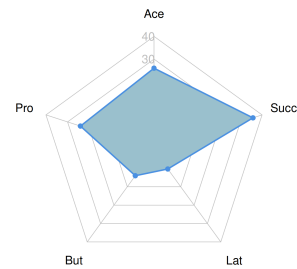
## RIEPILOGO INDICI - RADAR CHART

### Profilo Metaboliti Neuroattivi



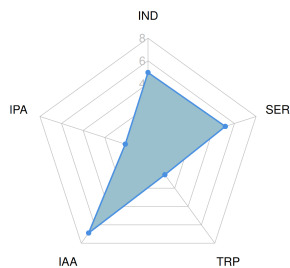
Valuta la capacità del microbiota di produrre molecole neuroattive come GABA (GAB), serotonina (SER), triptamina (TRP), indolo (IND), acido indol-3-propionico (IPA) e acido indol-3-acetico (IAA), tutte implicate nella comunicazione intestino-cervello.

### Profilo Acidi Grassi a Catena Corta (SCFA)



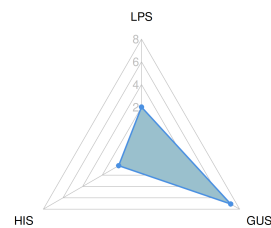
Descrive la produzione di Acidi Grassi a Catena Corta (SCFA) e altri metaboliti fondamentali per la salute intestinale e sistemica, tra cui acetato (Ace), propionato (Pro), butirato (But), lattato (Lat) e succinato (Succ).

### Profilo Metaboliti del Triptofano



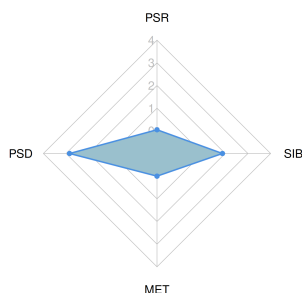
Analizza i principali cataboliti del triptofano prodotti dal microbiota, come indolo (IND), acido indol-3-propionico (IPA), acido indol-3-acetico (IAA), triptamina (TRP) e serotonina (SER), che hanno effetti su barriera intestinale, infiammazione e asse intestino-cervello.

### Marker di Permeabilità Intestinale



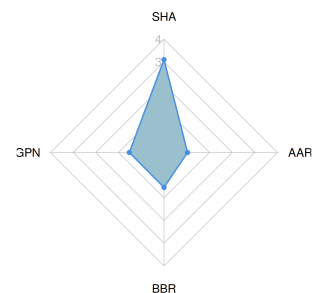
Evidenzia la presenza di marcatori associati ad aumentata permeabilità intestinale ("leaky gut"), come i produttori di Lipopolisaccaride (LPS), istamina (HIS) e Beta-glucuronidasi (GUS).

### Marker di Infiammazione Intestinale



Mostra i marcatori batterici associati a potenziale infiammatorio intestinale, come il rapporto Patobionti/Simbionti (PSR), l'abbondanza di Pseudomonadota (PSD), i produttori di metano (MET) e i batteri correlati a SIBO (SIB).

### Indici Generali del Microbiota



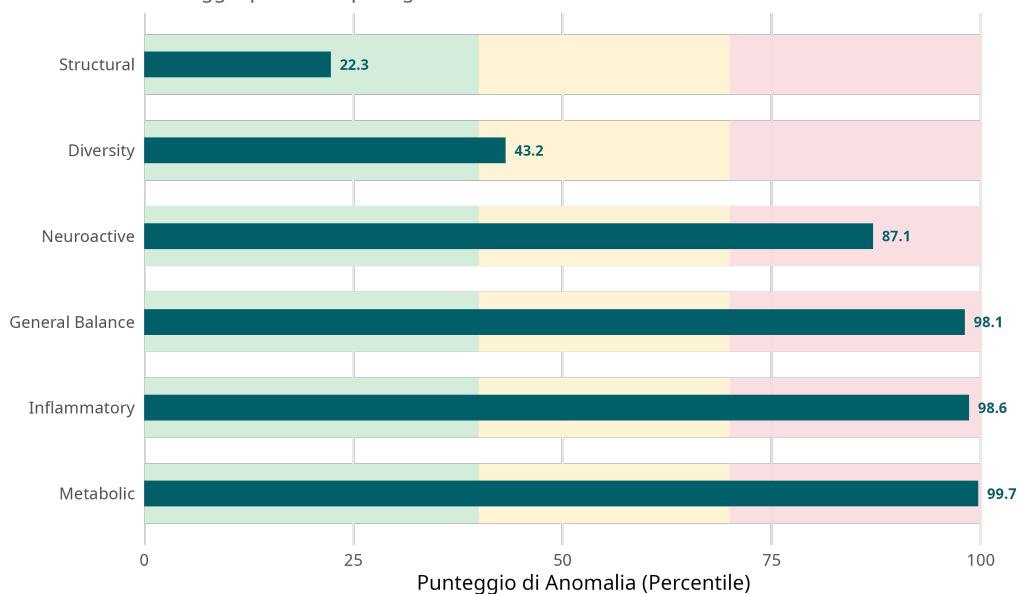
Fornisce una panoramica generale dell'equilibrio e della diversità della comunità batterica intestinale, attraverso l'Indice di Shannon (SHA), il rapporto Gram Positivi/Negativi (GPN), il rapporto Bacillota/Bacteroidota (BBR) e il rapporto Aerobi/Anaerobi (AAR), utili per interpretare lo stato di eubiosi o disbiosi.

## MIOBIOMA HEALTH SCORE

Il grafico mostra in maniera visiva lo stato del microbioma del campione nei diversi ambiti considerati: Structural, Neuroactive, Metabolic, General Balance, Inflammatory e Diversity. Ogni dominio è espresso come percentile rispetto a una popolazione di riferimento, permettendo di comprendere se il valore osservato si colloca in un intervallo ottimale o in una zona di squilibrio. Lo sfondo del grafico è suddiviso in tre aree colorate: verde chiaro, corrisponde a una condizione di eubiosi, ovvero equilibrio ottimale; giallo, rappresenta una situazione di allerta, indicativa di uno squilibrio lieve che merita monitoraggio; rosa, segnala una disbiosi marcata, cioè uno squilibrio importante del microbioma. Per ciascun dominio, la barra verde mostra la posizione reale del campione. In questo modo è possibile identificare facilmente i settori in cui il microbioma risulta equilibrato e quelli in cui emergono criticità. Questa rappresentazione non si limita a fornire un unico punteggio complessivo, ma consente di valutare in dettaglio le diverse componenti funzionali e strutturali, mettendo in evidenza eventuali aree di forza e di debolezza del microbioma. Ciò favorisce una lettura chiara e immediata, utile sia in ambito clinico che divulgativo.

### Miobioma Health Score - Dettaglio Assi

Punteggio percentile per ogni dominio funzionale e strutturale



#### Punteggio

74.8

#### Classificazione

PROFILO CON SQUILIBRIO  
MARCATO

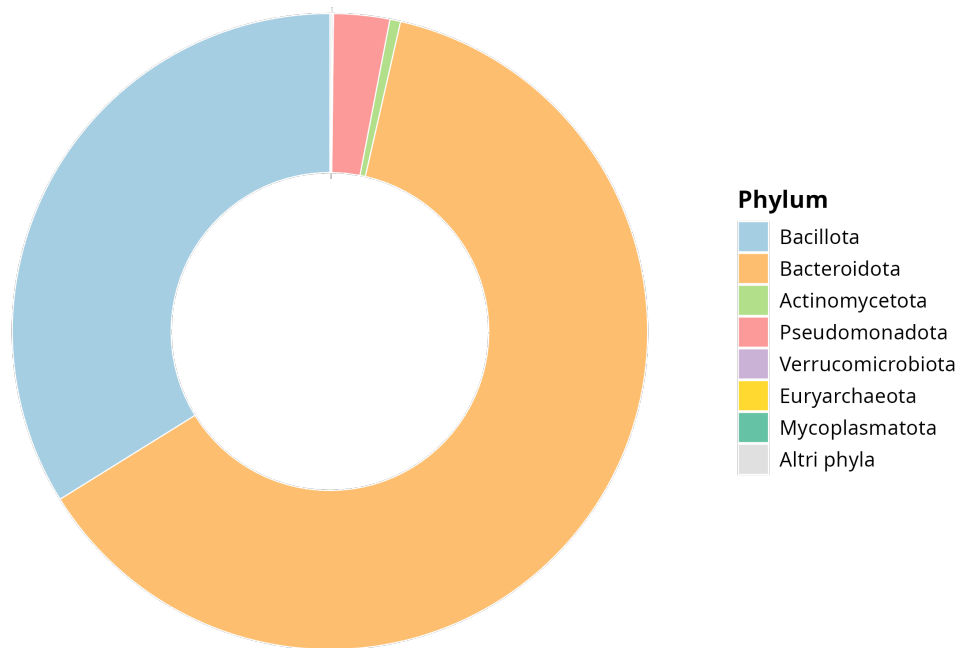


#### Popolazione

Eubiosi: 0-40  
Allerta: 41-70  
Dibiosi: 71-100

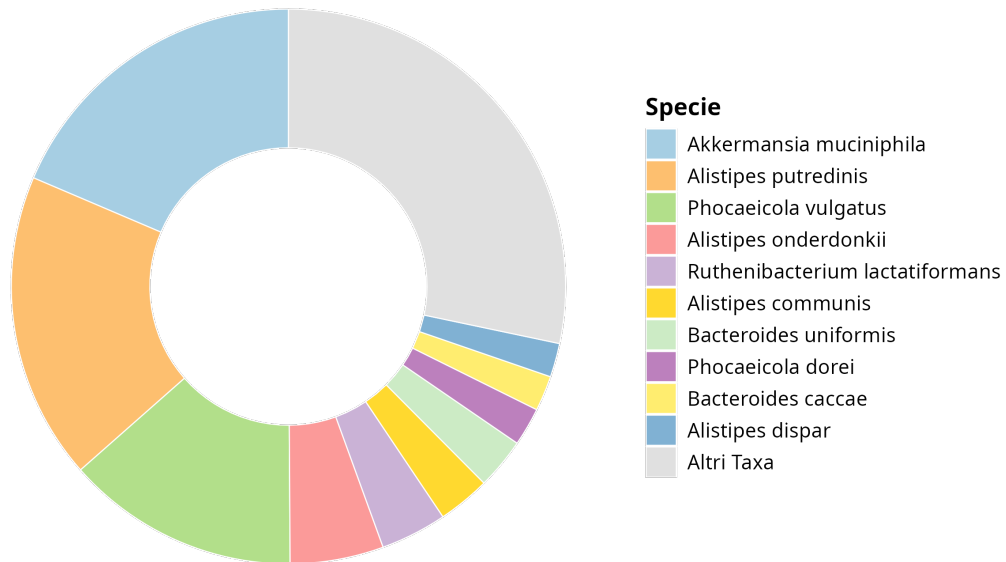
## COMPOSIZIONE DEL MICROBIOMA

### PYHLA



|                                                                                     | Phylum            | Abbondanza % |   | Popolazione       |
|-------------------------------------------------------------------------------------|-------------------|--------------|---|-------------------|
|  | Bacillota         | 33.8454      | ✓ | 11.8456 ~ 64.0040 |
|  | Bacteroidota      | 62.5867      | ✓ | 20.0042 ~ 84.8307 |
|  | Actinomycetota    | 0.5451       | ✓ | 0.0512 ~ 8.4881   |
|  | Pseudomonadota    | 2.8494       | ✓ | 0.0551 ~ 9.7703   |
|  | Verrucomicrobiota | 0.0743       | ✓ | 0.0005 ~ 5.7301   |
|  | Euryarchaeota     | 0.0000       | ✓ | 0.0000 ~ 1.1008   |
|  | Mycoplasmatota    | 0.0000       | ✓ | 0.0000 ~ 0.0103   |
|  | Altri phyla       | 0.0992       | □ | ~                 |

## SPECIE



|                                                                                     | Specie                          | Abbondanza % |   | Popolazione      |
|-------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------|--------------|---|------------------|
|  | Akkermansia muciniphila         | 18.59        | ↑ | 0.0003 ~ 7.3057  |
|  | Alistipes putredinis            | 17.91        | □ | ~                |
|  | Phocaeicola vulgatus            | 13.60        | ✓ | 0.0554 ~ 28.7391 |
|  | Alistipes onderdonkii           | 5.45         | ↑ | 0.0022 ~ 5.0405  |
|  | Ruthenibacterium lactatiformans | 3.86         | ↑ | 0.0060 ~ 0.8666  |
|  | Alistipes communis              | 3.05         | ↑ | 0.0011 ~ 1.8045  |
|  | Bacteroides uniformis           | 2.98         | ✓ | 0.0180 ~ 17.1567 |
|  | Phocaeicola dorei               | 2.23         | ✓ | 0.0187 ~ 21.9860 |
|  | Bacteroides caccae              | 2.05         | ✓ | 0.0038 ~ 5.0117  |
|  | Alistipes dispar                | 1.97         | ↑ | 0.0002 ~ 0.3667  |
|  | Altri Taxa                      | 28.30        | □ | ~                |

## ARCHEA

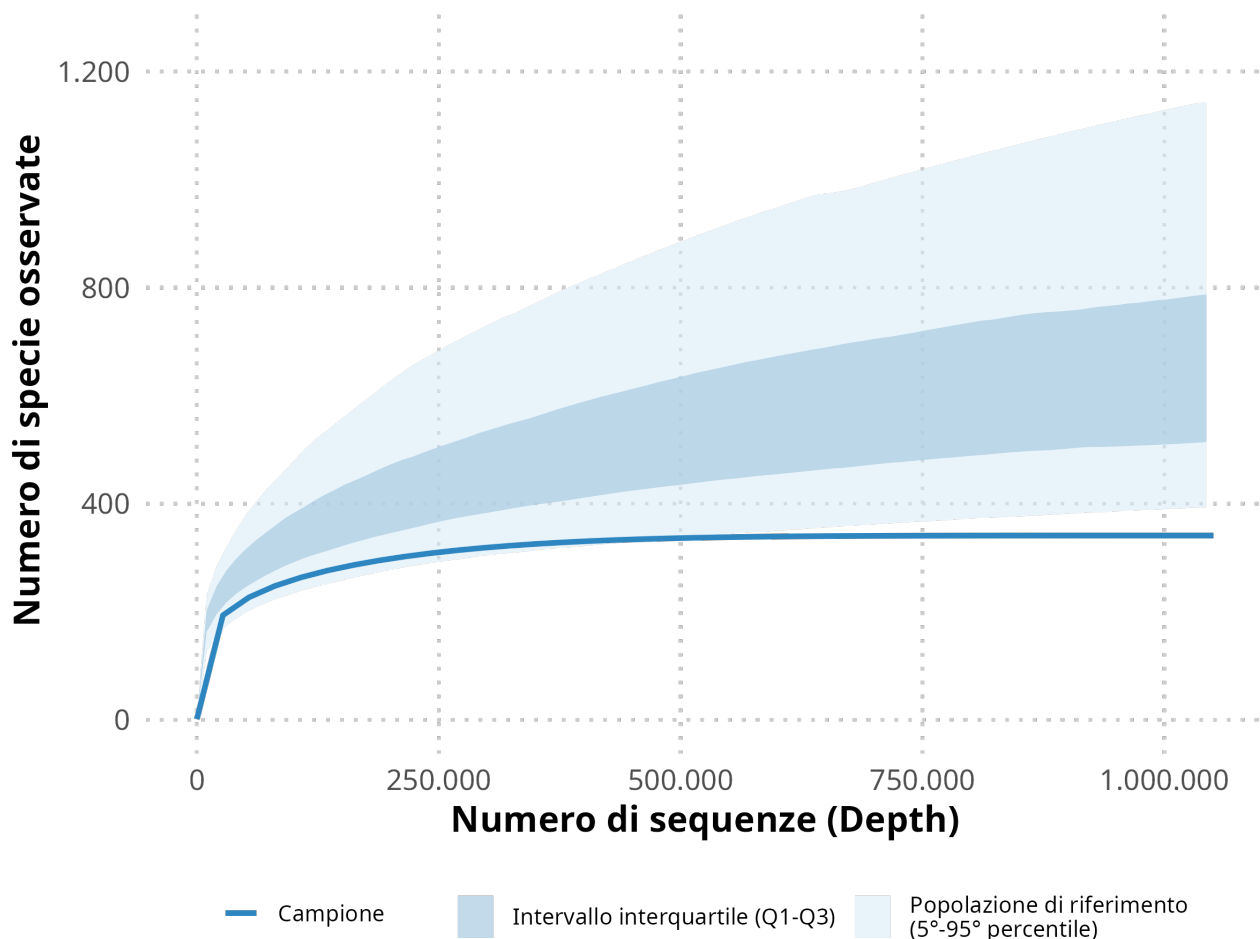
|                                                                                   | Specie          | Abbondanza % | Popolazione                                                                           |
|-----------------------------------------------------------------------------------|-----------------|--------------|---------------------------------------------------------------------------------------|
|  | Archaea Assenti | 0            |  - |

## CURVA DI RAREFAZIONE

La curva di rarefazione è una rappresentazione grafica impiegata per valutare la biodiversità di un campione. Essa illustra il numero di specie microbiche identificate in funzione del numero di letture di sequenziamento, fornendo un'indicazione sulla completezza e l'adeguatezza del sequenziamento.

L'andamento della curva riflette la relazione tra il numero di letture e il numero di specie individuate, permettendo di stimare la ricchezza microbica e di determinare se il sequenziamento ha raggiunto una copertura sufficiente per una caratterizzazione accurata della comunità microbica.

### Curva di Rarefazione



## SIMILARITA'

Il grafico rappresenta una analisi delle componenti principali (PCoA) basata sulla distanza Bray-Curtis, una metrica comunemente utilizzata in ecologia microbica per quantificare le differenze tra comunità batteriche. Il grafico confronta la composizione del microbioma del campione in esame con una popolazione di riferimento europea composta da circa 7000 campioni sani.

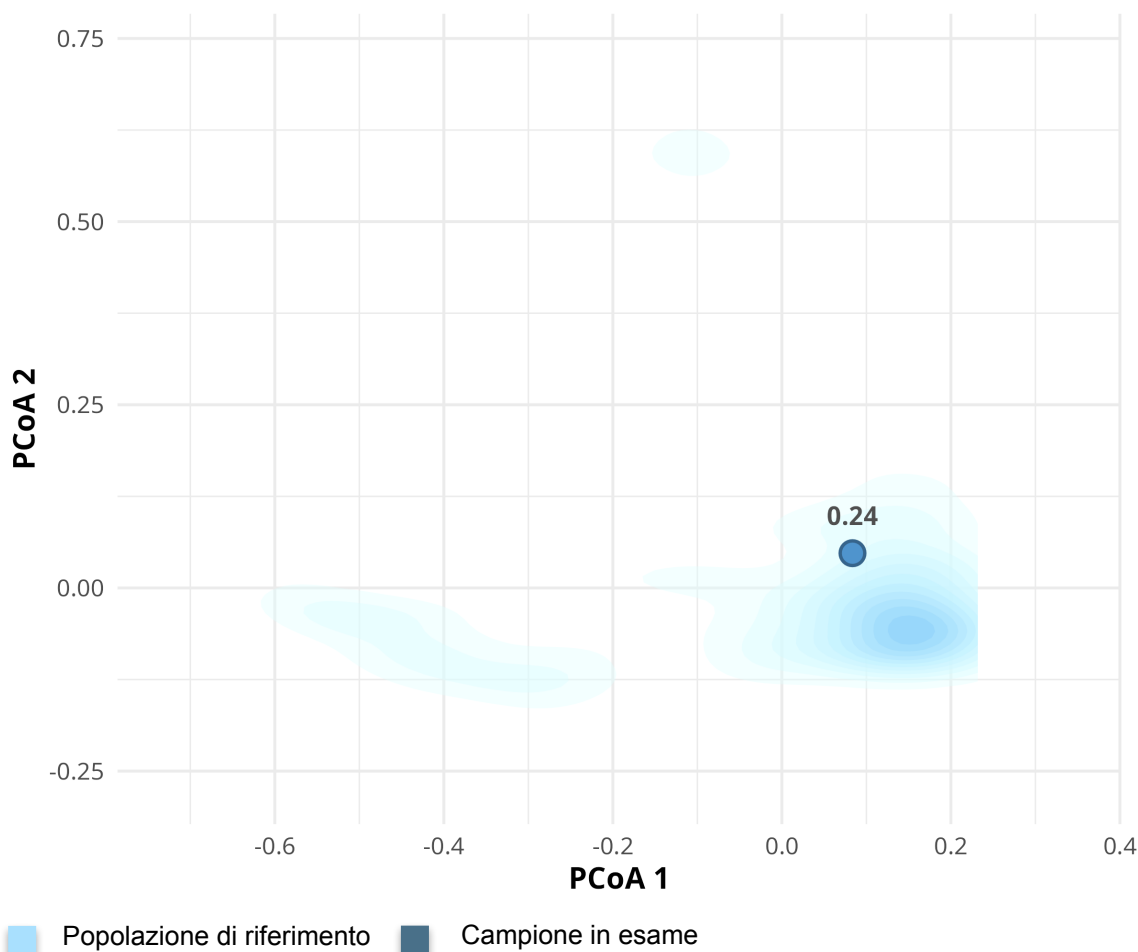
La nuvola grigia sullo sfondo visualizza la densità della distribuzione della popolazione di riferimento. Le aree più scure indicano dove i profili microbici si concentrano maggiormente all'interno dello spazio bidimensionale ridotto tramite PCoA. Questo approccio consente di identificare tendenze e gruppi naturali nella variabilità dei profili batterici.

Il campione analizzato è rappresentato da un punto verde acqua ben evidenziato, accompagnato da una percentuale che esprime la similarità rispetto alla popolazione di riferimento, calcolata indirettamente dalla distanza Bray-Curtis. Una percentuale più bassa indica un microbioma più dissimile rispetto alla norma, potenzialmente associabile a disbiosi o a condizioni non ottimali.

Questo tipo di visualizzazione è estremamente utile per contestualizzare il microbioma individuale rispetto a una baseline di salute, rendendo più immediata l'identificazione di deviazioni significative.

### Analisi PCoA sulla Distanza di Bray-Curtis

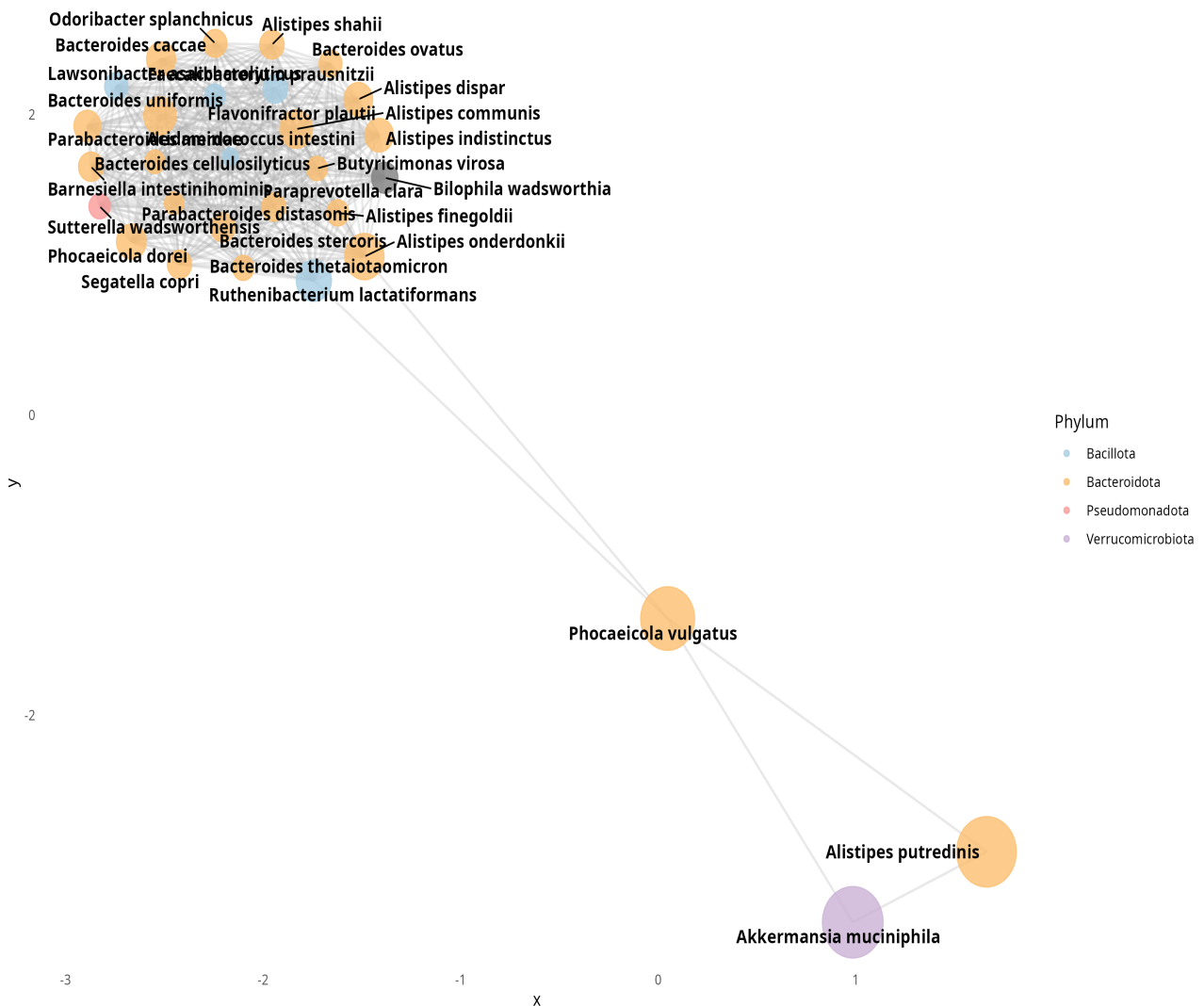
Confronto tra il campione e la popolazione di riferimento



## NETWORK ANALYSIS

Il grafico mostra una rappresentazione visiva delle principali specie batteriche identificate nel campione, collegate tra loro in base alla similarità di abbondanza relativa. Ogni nodo rappresenta una specie microbica, con la dimensione proporzionale alla sua abbondanza nel microbiota. Le connessioni tra i nodi (archi) indicano specie con abbondanze simili ( $\pm 10\%$ ), suggerendo potenziali interazioni ecologiche o co-occorrenze nel contesto intestinale. Questa visualizzazione aiuta a comprendere meglio la struttura interna della comunità microbica, evidenziando gruppi di specie che tendono a presentarsi insieme o a ricoprire ruoli funzionali simili nel microbiota del paziente.

### Network delle principali specie (Colorato per Phylum)



## SPECIE NON BATTERICHE

| Specie                             | Abbondanza % | Tipo  |
|------------------------------------|--------------|-------|
| Candidatus Southlakia epibionticum | 0.001        | Fungo |



## MICRORGANISMI POTENZIALMENTE PATOGENI

| Specie                                                                                                                                                                                          | Stato    | Abbondanza % |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------|--------------|
| <b>Adenovirus</b><br>Virus enterico che può causare gastroenteriti, specialmente nei bambini. La sua presenza nel microbioma è solitamente transitoria e legata a episodi acuti.                | Assente  | 0.0000       |
| <b>Aeromonas</b><br>Batterio ambientale presente in acque dolci e marine. Può causare gastroenteriti, soprattutto in soggetti immunocompromessi o in seguito a ingestione di acqua contaminata. | Presente | 0.0015       |
| <b>Astrovirus</b><br>Virus enterico responsabile di diarrea lieve, soprattutto in età pediatrica. La sua presenza intestinale è generalmente temporanea durante l'infezione.                    | Assente  | 0.0000       |
| <b>Campylobacter jejuni</b><br>Batterio tra le principali cause di diarrea batterica. Può alterare il microbioma intestinale e causare infiammazione.                                           | Assente  | 0.0000       |
| <b>Campylobacter</b><br>Genere che include patogeni come C. jejuni e C. coli. Spesso associato a diarrea acuta e squilibri del microbiota.                                                      | Presente | 0.0060       |
| <b>Clostridioides difficile</b><br>Batterio anaerobio responsabile di colite post-antibiotico. Può formare biofilm con F. nucleatum ed è associato a peggior esito in pazienti IBD.             | Presente | 0.0795       |
| <b>Cryptosporidium</b><br>Protozoo intestinale che causa diarrea acquosa, soprattutto in immunodepressi. Può alterare la barriera intestinale e il microbioma.                                  | Assente  | 0.0000       |
| <b>Entamoeba histolytica</b><br>Protozoo invasivo, può causare amebiasi intestinale con lesioni mucosali. Rilevante in contesti epidemiologici specifici.                                       | Assente  | 0.0000       |
| <b>Enteroaggregative Escherichia coli</b><br>Ceppo di E. coli aderente alla mucosa intestinale, associato a diarrea persistente e alterazioni del microbiota.                                   | Assente  | 0.0000       |
| <b>Enteroinvasive Escherichia coli</b><br>Ceppo di E. coli con meccanismo invasivo simile alla Shigella. Può causare diarrea infiammatoria.                                                     | Assente  | 0.0000       |
| <b>Enteropathogenic Escherichia coli</b><br>Ceppo di E. coli aderente alle cellule intestinali, associato a diarrea nei bambini e squilibri del microbioma.                                     | Assente  | 0.0000       |
| <b>Enterotoxigenic Escherichia coli</b><br>Produce tossine enteriche che causano diarrea del viaggiatore. Può alterare temporaneamente la composizione del microbiota.                          | Assente  | 0.0000       |
| <b>Escherichia coli O157</b><br>Ceppo enteroemorragico capace di produrre tossine. Associato a colite emorragica e complicanze sistemiche.                                                      | Assente  | 0.0000       |

|                                                                                                                                                                                                         |                 |               |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------|---------------|
| <b>Giardia intestinalis</b><br>Protozoo enterico che causa diarrea, gonfiore e malassorbimento. Spesso responsabile di disbiosi.                                                                        | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Klebsiella pneumoniae</b><br>Patogeno opportunista; colonizza l'intestino e può traslocare, contribuendo a infezioni sistemiche e disbiosi marcata.                                                  | <b>Presente</b> | <b>0.0005</b> |
| <b>Norovirus GI</b><br>Virus altamente contagioso, causa diarrea acuta. Presenza intestinale transitoria durante infezione                                                                              | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Norovirus GII</b><br>Simile al GI, è tra le principali cause virali di diarrea. Presenza intestinale temporanea.                                                                                     | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Rotavirus</b><br>Virus enterico pediatrico, causa diarrea severa. Rilevabile nel microbioma durante fasi acute.                                                                                      | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Sapovirus</b><br>Virus enterico simile al Norovirus. Può causare diarrea lieve e influenzare temporaneamente il microbiota.                                                                          | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Salmonella</b><br>Batterio che causa gastroenterite e infiammazione intestinale. Altera l'equilibrio dei nutrienti nel microbiota per favorire la propria crescita a discapito dei batteri benefici. | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Shigella</b><br>Batterio invasivo, causa dissenteria. La sua presenza indica infezione acuta e impatto significativo sul microbioma.                                                                 | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Verotoxigenic Escherichia coli</b><br>Ceppi di E. coli produttori di verotossina, associati a gravi infezioni intestinali.                                                                           | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Vibrio</b><br>Genere che include patogeni come V. cholerae. Associato a diarrea acquosa e squilibri intestinali.                                                                                     | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Yersinia enterocolitica</b><br>Batterio patogeno che può causare enterocolite, linfadenite e disbiosi. Più comune nei bambini.                                                                       | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |

! Queste informazioni non devono essere considerate diagnostiche. La rilevazione del DNA di specie potenzialmente patogene non fornisce indicazioni sulla vitalità di tali specie. L'effettiva presenza di un'infezione deve essere rilevata solo attraverso metodologie standard (ad esempio, coprocultura, test antigenici o molecolari specifici) e previa richiesta di uno specialista.



## MICROORGANISMI BENEFICI

| Specie                                                                                                                                                                        | Stato    | Abbondanza % |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------|--------------|
| <b>Bacteroides fragilis</b><br>Contribuisce alla fermentazione dei carboidrati complessi e alla produzione di acidi grassi a catena corta, supportando la salute intestinale. | Presente | 0.2836       |
| <b>Bacteroides thetaiotaomicron</b><br>Aiuta nella digestione dei polisaccaridi e nella modulazione del sistema immunitario intestinale.                                      | Presente | 0.7547       |
| <b>Bacteroides vulgatus</b><br>Partecipa alla degradazione dei carboidrati complessi e alla produzione di acidi grassi a catena corta.                                        | Assente  | 0.0000       |
| <b>Barnesiella intestinihominis</b><br>Contribuisce alla resistenza contro i patogeni intestinali e può modulare la risposta immunitaria.                                     | Presente | 1.2301       |
| <b>Blautia obeum</b><br>Produce acidi grassi a catena corta essenziali per la salute intestinale e le funzioni metaboliche.                                                   | Presente | 0.2184       |
| <b>Collinsella aerofaciens</b><br>Partecipa alla fermentazione dei carboidrati e può influenzare la composizione del microbiota intestinale.                                  | Presente | 0.0257       |
| <b>Collinsella stercoris</b><br>Contribuisce alla degradazione delle fibre alimentari e alla produzione di acidi grassi a catena corta.                                       | Assente  | 0.0000       |
| <b>Eubacterium rectale</b><br>Produce butirrato, supportando la salute del colon e con proprietà anti-infiammatorie.                                                          | Assente  | 0.0000       |
| <b>Faecalibacterium prausnitzii</b><br>Uno dei principali produttori di butirrato, con effetti protettivi contro malattie infiammatorie intestinali.                          | Presente | 1.1764       |
| <b>Gemmiger formicilis</b><br>Fermenta carboidrati producendo acidi come il butirrato, contribuendo alla salute intestinale.                                                  | Assente  | 0.0000       |
| <b>Parabacteroides distasonis</b><br>Contribuisce alla regolazione metabolica e può avere effetti benefici sull'infiammazione intestinale.                                    | Presente | 0.5963       |
| <b>Parabacteroides merdae</b><br>Supporta l'omeostasi intestinale e partecipa alla degradazione dei carboidrati complessi.                                                    | Presente | 1.5885       |
| <b>Phascolarctobacterium faecium</b><br>Produce acidi grassi a catena corta come il propionato, importanti per la salute metabolica.                                          | Presente | 0.1028       |

|                                                                                                                                                       |                 |               |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------|---------------|
| <b>Roseburia intestinalis</b><br>Batterio produttore di butirato con un ruolo centrale nella salute del colon e nella prevenzione dell'infiammazione. | <b>Presente</b> | <b>0.0086</b> |
| <b>Ruminococcus bromii</b><br>Essenziale per la degradazione dell'amido resistente, contribuisce alla produzione di butirato.                         | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Saccharomyces boulardii</b><br>Lievito probiotico utile nella prevenzione e trattamento della diarrea e disbiosi.                                  | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |
| <b>Streptococcus thermophilus</b><br>Coinvolto nella fermentazione del lattosio, supporta la digestione e la salute intestinale.                      | <b>Assente</b>  | <b>0.0000</b> |



## PROBIOTICI

| Specie                                                                                                                                                                                                       | Stato    | Abbondanza % |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------|--------------|
| <b>Bacillus coagulans</b><br>Probiotico sporigeno resistente agli acidi gastrici; migliora la digestione, modula la risposta immunitaria e favorisce l'equilibrio del microbiota intestinale.                | Assente  | 0.0000       |
| <b>Bifidobacterium adolescentis</b><br>Produce acidi grassi a catena corta e vitamine B, contribuisce alla regolazione immunitaria e al mantenimento dell'omeostasi intestinale.                             | Presente | 0.0500       |
| <b>Bifidobacterium animalis</b><br>Aiuta nella digestione e nell'assorbimento dei nutrienti, contrastando i microrganismi patogeni.                                                                          | Assente  | 0.0000       |
| <b>Bifidobacterium bifidum</b><br>Supporta la digestione e aiuta a prevenire la crescita di batteri nocivi nell'intestino.                                                                                   | Presente | 0.0614       |
| <b>Bifidobacterium longum</b><br>Regola l'infiammazione, migliora la funzione della barriera intestinale e aumenta la produzione di acetato.                                                                 | Presente | 0.1489       |
| <b>Clostridium butyricum</b><br>Produttore di butirrato, migliora la salute intestinale e l'omeostasi immunitaria.                                                                                           | Assente  | 0.0000       |
| <b>Escherichia coli Nissle 1917</b> <br>Ceppo non patogeno con effetti positivi nelle malattie infiammatorie intestinali. | Assente  | 0.0000       |
| <b>Lactobacillus acidophilus</b><br>Supporta la salute intestinale, allevia la diarrea e riduce i sintomi dell'intestino irritabile.                                                                         | Assente  | 0.0000       |
| <b>Lactobacillus delbrueckii</b><br>Utilizzato nella fermentazione di latticini, contribuisce alla digestione del lattosio.                                                                                  | Presente | 0.0005       |
| <b>Lactobacillus johnsonii</b><br>Promuove l'equilibrio del microbiota intestinale e modula la risposta immunitaria.                                                                                         | Assente  | 0.0000       |
| <b>Lactobacillus murinus</b><br>Contribuisce alla protezione dell'intestino contro i patogeni e supporta la salute intestinale.                                                                              | Assente  | 0.0000       |
| <b>Lactobacillus reuteri</b><br>Produce sostanze antimicrobiche e modula il sistema immunitario, supportando la salute intestinale.                                                                          | Assente  | 0.0000       |
| <b>Lactobacillus rhamnosus</b><br>Supporta l'equilibrio del microbiota intestinale e può prevenire infezioni gastrointestinali.                                                                              | Assente  | 0.0000       |
| <b>Lactococcus lactis</b><br>Impiegato nella fermentazione lattiero-casearia, favorisce la produzione di sostanze antimicrobiche e vitamine.                                                                 | Assente  | 0.0000       |

|                                                                                                                                  |         |        |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------|--------|
| <b>Propionibacterium freudenreichii</b><br>Produttore di acido propionico e vitamina B12, utile per il metabolismo intestinale.  | Assente | 0.0000 |
| <b>Saccharomyces boulardii</b><br>Lievito probiotico utile nella prevenzione e trattamento della diarrea e disbiosi.             | Assente | 0.0000 |
| <b>Streptococcus thermophilus</b><br>Coinvolto nella fermentazione del lattosio, supporta la digestione e la salute intestinale. | Assente | 0.0000 |

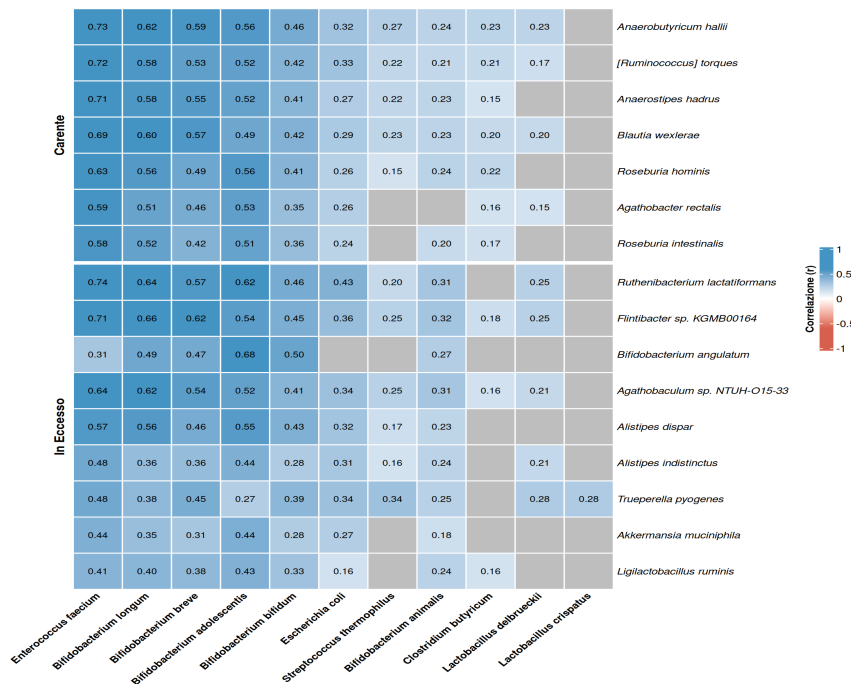


## MICROORGANISMI POTENZIALMENTE DANNOSI

| Specie                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              | Stato    | Abbondanza % |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------|--------------|
| <b>Bacteroides fragilis (ETBF)</b><br>Ceppo enterotossigenico associato al carcinoma coloretale (CRC). Produce la tossina BFT, che danneggia la barriera intestinale e promuove infiammazione, facilitando la colonizzazione da parte di Fusobacterium nucleatum.                                                                                                                                                                   | Assente  | 0.0000       |
| <b>Clostridium sporogenes</b><br>Coinvolto nella produzione di aminoacidi a catena ramificata (BCAA), associati all'insulino-resistenza epatica nella MASLD. Partecipa anche al metabolismo della colina in TMA, precursore del TMAO, molecola legata a malattie cardiovascolari e stress ossidativo epatico.                                                                                                                       | Assente  | 0.0000       |
| <b>Collinsella aerofaciens</b><br>Associata a forme gravi di COVID-19, in quanto altera la barriera mucosa e stimola mediatori infiammatori. Promuove l'obesità attraverso il metabolismo di SCFA e BCAA e l'attivazione del segnale LPS-TLR4. Legata a NAFLD/NASH per l'aumento di etanolo sistemico e infiammazione epatica.                                                                                                      | Presente | 0.0257       |
| <b>Desulfovibrio spp.</b><br>Batteri solfato-riduttori, responsabili della produzione eccessiva di H <sub>2</sub> S, che compromette l'integrità epiteliale e aggrava l'infiammazione nelle IBD. Contribuiscono anche alla formazione di TMA, precursore del TMAO associato a malattie cardiovascolari.                                                                                                                             | Assente  | 0.0000       |
| <b>Enterococcus faecalis</b><br>Aumentato nell'insufficienza cardiaca (IC) e associato al carcinoma coloretale. Produce superossidi che danneggiano il DNA, favorendo instabilità genomica e carcinogenesi.                                                                                                                                                                                                                         | Presente | 0.0005       |
| <b>Enterococcus faecium</b><br>Aumentato nelle IBD pediatriche, con correlazione a infiammazione e malnutrizione. Implicato nelle recidive post-operatorie di IBD e presente anche in IC e COVID-19 grave, dove è associato a prognosi sfavorevole. Alcuni ceppi possono avere effetti benefici nelle IBD.                                                                                                                          | Presente | 0.0095       |
| <b>Fusobacterium nucleatum</b><br>Favorisce la proliferazione, metastasi, chemioresistenza e infiammazione nel carcinoma coloretale. Grazie alle adesine FadA e Fap2 aderisce e invade i tessuti, eludendo la risposta immunitaria. Associato a sottotipi tumorali specifici (dMMR, mutazioni BRAF) e a prognosi sfavorevole. Ricontrabile in feci, saliva e siero; arricchito in recidive post-operatorie della Malattia di Crohn. | Assente  | 0.0000       |
| <b>Prevotella copri</b><br>Fortemente associato all'artrite reumatoide a insorgenza recente (NORA), con riduzione della diversità microbica e perdita di batteri benefici. Nei topi, aumenta la suscettibilità alla colite. Coinvolto nella produzione di BCAA nell'obesità. Il suo ruolo è controverso e dipendente dal ceppo.                                                                                                     | Assente  | 0.0000       |
| <b>Ruminococcus gnavus</b><br>Batterio pro-infiammatorio associato alla gravità di IBD, COVID-19 e lupus eritematoso sistemico. Può avere un ruolo nella MASLD. Degrada la mucina e produce mediatori infiammatori. Presenta un'elevata variabilità tra ceppi.                                                                                                                                                                      | Assente  | 0.0000       |
| <b>Streptococcus anginosus</b><br>Associato alla progressione tumorale e a prognosi sfavorevole nel carcinoma gastrico. Potrebbe contribuire all'infiammazione cronica gastrica e a lesioni precancerose. Implicato nella tumorigenesi tramite l'asse Annexin A2-MAPK.                                                                                                                                                              | Assente  | 0.0000       |
| <b>Streptococcus gallolyticus (bovis)</b><br>Fortemente associato al carcinoma coloretale e alla presenza di adenomi. Potenziale ruolo pro-infiammatorio nella carcinogenesi attraverso l'attivazione di IL-1, COX-2 e IL-8.                                                                                                                                                                                                        | Assente  | 0.0000       |

## CORRELAZIONI TRA PROBIOTICI E SPECIE BATTERICHE

Questa heatmap mostra le interazioni **statisticamente significative** ( $p\text{-value} < 0.05$ ) e con una certa **rilevanza** ( $|r| > 0.15$ ) tra i probiotici (colonne) e le specie batteriche (righe). Il grafico si concentra esclusivamente sulle specie che nel campione risultano in uno stato di disbiosi, ovvero presenti in quantità "Carente" o "In Eccesso" rispetto ai valori di riferimento. Le caselle blu indicano una correlazione positiva (all'aumentare del probiotico aumenta la specie), mentre quelle arancioni/rosse indicano una correlazione negativa. I valori numerici indicano la forza di tale correlazione. Di seguito è riportato anche un commento generato dall'AI sui risultati della correlazione.



L'analisi dei dati del microbioma del paziente indica una disbiosi caratterizzata da specie sia carenti che in eccesso. Per affrontare questa situazione, una strategia probiotica mirata è essenziale. Per incrementare le specie carenti come *\*Agathobacter rectalis\**, *\*Anaerobutyricum hallii\**, *\*Anaerostipes hadrus\**, *\*Blautia wexlerae\**, *\*Roseburia hominis\**, *\*Roseburia intestinalis\**, e *\*[Ruminococcus] torques\**, i probiotici più efficaci sono *\*Enterococcus faecium\** e *\*Bifidobacterium longum\**, che mostrano correlazioni positive significative. Tuttavia, entrambi i probiotici hanno anche effetti positivi su diverse specie in eccesso, come *\*Ruthenibacterium lactatiformans\** e *\*Flintibacter sp. KGMB00164\**, suggerendo un conflitto. Un approccio prudente potrebbe essere l'uso di *\*Bifidobacterium breve\**, che ha interazioni positive con molte specie carenti e meno impatto su quelle in eccesso. Monitorare attentamente la risposta del paziente e adattare la strategia probiotica in base agli sviluppi del microbioma è cruciale.

**!** Commento generato automaticamente da un sistema di intelligenza artificiale basato sull'analisi del microbiota intestinale. È solo un supporto interpretativo e non sostituisce la valutazione clinica personalizzata. In caso di dubbi, consultare sempre medico o specialista.

## COMMENTO GENERATO DA INTELLIGENZA ARTIFICIALE (AI)

Il seguente commento è stato generato automaticamente tramite un sistema di intelligenza artificiale (AI) a partire dai risultati emersi dall'analisi del microbiota intestinale. Questo strumento fornisce un supporto all'interpretazione integrata dei risultati, **ma non sostituisce la valutazione clinica personalizzata**. Per qualsiasi dubbio o per approfondimenti, si consiglia di consultare il proprio medico o specialista di riferimento.

L'analisi del microbioma indica un profilo di disbiosi marcata, guidato principalmente da squilibri metabolici e infiammatori, come evidenziato dai punteggi elevati sugli assi 'Metabolic' (99.7%) e 'Inflammatory' (98.6%). Questi squilibri sono ulteriormente supportati dalla presenza di patogeni come *Enterobacter* e *Klebsiella pneumoniae*, che possono contribuire a un aumento dello stato infiammatorio. Nonostante un equilibrio ottimale sull'asse 'Structural' (22.3%), l'elevato punteggio sull'asse 'General Balance' (98.1%) suggerisce una complessiva instabilità microbica. La diversità microbica, rappresentata da un punteggio di 'Diversity' in equilibrio (43.2%), è corroborata da un indice di Shannon di 3.1, che rientra nei range normali, indicando una varietà microbica accettabile. Tuttavia, l'abbondanza fuori range di *Akkermansia muciniphila* e i livelli elevati di SCFA come acetato e propionato suggeriscono un'alterazione del metabolismo degli acidi grassi a corta catena, potenzialmente influenzando il metabolismo energetico e l'infiammazione sistemica. L'asse 'Neuroactive' mostra uno squilibrio leggero (87.1%), con livelli di GABA fuori range, suggerendo potenziali implicazioni per la modulazione neuroattiva. La presenza di batteri potenzialmente dannosi come *Enterococcus faecalis* e *Collinsella aerofaciens*, insieme a un indice di mucolisi elevato, potrebbe indicare un aumento della degradazione della barriera mucosa intestinale, contribuendo a una maggiore permeabilità intestinale. L'assenza di specie chiave benefiche non è stata rilevata, ma la presenza di patogeni e batteri potenzialmente dannosi, insieme ai pattern metabolici osservati, indica un ambiente microbico che potrebbe favorire condizioni infiammatorie e metaboliche avverse. Questi dati suggeriscono uno stato di disbiosi che potrebbe influenzare negativamente la salute generale dell'ospite, richiedendo un'attenzione clinica per mitigare i potenziali effetti avversi.

## TAVOLA TASSONOMICA

| Phylum                     | Genere           | Specie                          | Abbondanza % | Popolazione %    |   |
|----------------------------|------------------|---------------------------------|--------------|------------------|---|
| Verrucomicrobiota          | Akkermansia      | Akkermansia muciniphila         | 18.5933      | 0.0003 - 7.3057  | ↑ |
| Bacteroidota               | Alistipes        | Alistipes putredinis            | 17.9066      | -                | □ |
| Bacteroidota               | Phocaeicola      | Phocaeicola vulgatus            | 13.5976      | 0.0554 - 28.7391 | ✓ |
| Bacteroidota               | Alistipes        | Alistipes onderdonkii           | 5.4530       | 0.0022 - 5.0405  | ↑ |
| Bacillota                  | Ruthenibacterium | Ruthenibacterium lactatiformans | 3.8636       | 0.0060 - 0.8666  | ↑ |
| Bacteroidota               | Alistipes        | Alistipes communis              | 3.0537       | 0.0011 - 1.8045  | ↑ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides uniformis           | 2.9804       | 0.0180 - 17.1567 | ✓ |
| Bacteroidota               | Phocaeicola      | Phocaeicola dorei               | 2.2304       | 0.0187 - 21.9860 | ✓ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides caccae              | 2.0501       | 0.0038 - 5.0117  | ✓ |
| Bacteroidota               | Alistipes        | Alistipes dispar                | 1.9734       | 0.0002 - 0.3667  | ↑ |
| Bacteroidota               | Alistipes        | Alistipes indistinctus          | 1.9520       | 0.0000 - 0.3363  | ↑ |
| Bacteroidota               | Parabacteroides  | Parabacteroides merdae          | 1.5885       | 0.0026 - 5.8823  | ✓ |
| Thermodesulfobact<br>eriot | Bilophila        | Bilophila wadsworthia           | 1.4619       | -                | □ |
| Bacteroidota               | Barnesiella      | Barnesiella intestinihominis    | 1.2301       | -                | □ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides stercoris           | 1.2025       | 0.0037 - 9.5146  | ✓ |
| Bacillota                  | Faecalibacterium | Faecalibacterium prausnitzii    | 1.1764       | 0.0598 - 5.5107  | ✓ |
| Bacteroidota               | Alistipes        | Alistipes shahii                | 1.1540       | 0.0012 - 2.4946  | ✓ |
| Bacteroidota               | Segatella        | Segatella copri                 | 1.1292       | 0.0017 - 59.5198 | ✓ |
| Bacteroidota               | Paraprevotella   | Paraprevotella clara            | 1.0978       | 0.0002 - 2.7245  | ✓ |
| Bacteroidota               | Odoribacter      | Odoribacter splanchnicus        | 1.0326       | 0.0023 - 2.4989  | ✓ |
| Bacillota                  | Lawsonibacter    | Lawsonibacter asaccharolyticus  | 0.9950       | 0.0025 - 0.7584  | ↑ |

| Phylum         | Genere            | Specie                       | Abbondanza % | Popolazione %    |   |
|----------------|-------------------|------------------------------|--------------|------------------|---|
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides ovatus           | 0.9299       | 0.0061 - 2.2309  | ✓ |
| Bacteroidota   | Alistipes         | Alistipes finegoldii         | 0.8513       | 0.0019 - 1.5870  | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides thetaiotaomicron | 0.7547       | 0.0918 - 6.9446  | ✓ |
| Pseudomonadota | Sutterella        | Sutterella wadsworthensis    | 0.7533       | 0.0000 - 1.9089  | ✓ |
| Bacteroidota   | Butyricimonas     | Butyricimonas virosa         | 0.6986       | 0.0001 - 0.8282  | ✓ |
| Bacillota      | Flavonifractor    | Flavonifractor plautii       | 0.6952       | 0.0124 - 0.6545  | ↑ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides cellulosilyticus | 0.6420       | 0.0009 - 11.2459 | ✓ |
| Bacteroidota   | Parabacteroides   | Parabacteroides distasonis   | 0.5963       | 0.0300 - 4.0495  | ✓ |
| Bacillota      | Acidaminococcus   | Acidaminococcus intestini    | 0.4778       | 0.0000 - 0.5019  | ✓ |
| Bacillota      | Ligilactobacillus | Ligilactobacillus ruminis    | 0.3521       | 0.0005 - 0.1276  | ↑ |
| Bacillota      | Enterocloster     | Enterocloster bolteae        | 0.3364       | 0.0028 - 0.4332  | ✓ |
| Bacillota      | Pusillibacter     | Pusillibacter faecalis       | 0.3069       | 0.0027 - 0.2391  | ↑ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides fragilis         | 0.2836       | 0.0161 - 3.3296  | ✓ |
| Pseudomonadota | Escherichia       | Escherichia coli             | 0.2831       | 0.0000 - 0.4951  | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides nordii           | 0.2589       | 0.0002 - 0.4095  | ✓ |
| Bacteroidota   | Alistipes         | Alistipes senegalensis       | 0.2251       | 0.0001 - 0.3698  | ✓ |
| Bacillota      | Blautia           | Blautia obeum                | 0.2184       | 0.0269 - 1.4772  | ✓ |
| Bacillota      | Flintibacter      | Flintibacter sp. KGMB00164   | 0.2179       | 0.0008 - 0.0564  | ↑ |
| Bacillota      | Dorea             | Dorea longicatena            | 0.1918       | 0.0209 - 2.2576  | ✓ |
| Bacteroidota   | Coprobacter       | Coprobacter fastidiosus      | 0.1889       | 0.0000 - 1.0168  | ✓ |
| Bacteroidota   | Butyricimonas     | Butyricimonas paravirosa     | 0.1799       | 0.0001 - 0.4123  | ✓ |
| Bacteroidota   | Alistipes         | Alistipes sp. dk3624         | 0.1627       | 0.0000 - 0.2589  | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides hominis          | 0.1561       | -                | □ |

| Phylum         | Genere                | Specie                           | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|----------------|-----------------------|----------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacillota      | Faecalibacterium      | Faecalibacterium taiwanense      | 0.1489       | 0.0076 - 0.4767 | ✓ |
| Actinomycetota | Bifidobacterium       | Bifidobacterium longum           | 0.1489       | 0.0012 - 0.9456 | ✓ |
| Bacillota      | Dialister             | Dialister hominis                | 0.1456       | 0.0000 - 0.1393 | ↑ |
| Bacillota      | Dialister             | Dialister massiliensis           | 0.1451       | 0.0000 - 0.1265 | ↑ |
| Bacillota      | Vescimonas            | Vescimonas coprocola             | 0.1432       | 0.0039 - 1.2006 | ✓ |
| Bacillota      | Enterocloster         | Enterocloster lavalensis         | 0.1218       | -               | □ |
| Bacteroidota   | Bacteroides           | Bacteroides xylanisolvens        | 0.1194       | 0.0230 - 2.7147 | ✓ |
| Bacteroidota   | Parabacteroides       | Parabacteroides johnsonii        | 0.1190       | 0.0004 - 1.1964 | ✓ |
| Bacillota      | Faecalibacterium      | Faecalibacterium sp. i21-0019-B1 | 0.1147       | -               | □ |
| Bacteroidota   | Butyricimonas         | Butyricimonas faecihominis       | 0.1123       | 0.0000 - 0.4975 | ✓ |
| Bacillota      | Phascolarctobacterium | Phascolarctobacterium faecium    | 0.1028       | 0.0000 - 3.1041 | ✓ |
| Bacillota      | Agathobaculum         | Agathobaculum sp. NTUH-015-33    | 0.0999       | 0.0000 - 0.0144 | ↑ |
| Bacillota      | Dorea                 | Dorea formicigenerans            | 0.0990       | 0.0039 - 0.7057 | ✓ |
| Actinomycetota | Bifidobacterium       | Bifidobacterium angulatum        | 0.0899       | 0.0000 - 0.0095 | ↑ |
| Bacillota      | Eisenbergiella        | Eisenbergiella porci             | 0.0828       | -               | □ |
| Bacillota      | Oscillibacter         | Oscillibacter sp. PEA192         | 0.0819       | 0.0037 - 0.1782 | ✓ |
| Bacillota      | Blautia               | Blautia wexlerae                 | 0.0819       | 0.0760 - 4.0742 | ✓ |
| Bacillota      | Coprococcus           | Coprococcus catus                | 0.0795       | 0.0059 - 0.5188 | ✓ |
| Bacillota      | Clostridioides        | Clostridioides difficile         | 0.0795       | 0.0065 - 0.2388 | ✓ |
| Bacillota      | Roseburia             | Roseburia faecis                 | 0.0738       | -               | □ |
| Bacillota      | Intestinimonas        | Intestinimonas butyriciproducens | 0.0728       | 0.0028 - 0.3910 | ✓ |
| Bacillota      | Anaerotruncus         | Anaerotruncus colihominis        | 0.0700       | 0.0046 - 0.2142 | ✓ |
| Bacillota      | Dysosmobacter         | Dysosmobacter welbionis          | 0.0680       | 0.0039 - 0.2769 | ✓ |

| Phylum         | Genere             | Specie                           | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|----------------|--------------------|----------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacillota      | Vescimonas         | Vescimonas fastidiosa            | 0.0666       | 0.0014 - 0.7543 | ✓ |
| Bacillota      | Hungatella         | Hungatella hathewayi             | 0.0642       | 0.0037 - 0.1743 | ✓ |
| Actinomycetota | Bifidobacterium    | Bifidobacterium bifidum          | 0.0614       | 0.0000 - 0.0346 | ↑ |
| Bacillota      | Faecalibacterium   | Faecalibacterium sp. i25-0019-C1 | 0.0576       | -               | □ |
| Bacteroidota   | Bacteroides        | Bacteroides sp. M10              | 0.0571       | 0.0004 - 0.1929 | ✓ |
| Bacillota      | Mediterraneibacter | Mediterraneibacter gnavus        | 0.0566       | 0.0099 - 0.5027 | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides        | Bacteroides intestinalis         | 0.0562       | 0.0001 - 3.4192 | ✓ |
| Bacillota      | Faecalibacterium   | Faecalibacterium sp. I4-3-84     | 0.0523       | 0.0042 - 0.2949 | ✓ |
| Actinomycetota | Bifidobacterium    | Bifidobacterium adolescentis     | 0.0500       | 0.0001 - 0.5132 | ✓ |
| Bacillota      | Faecalibacterium   | Faecalibacterium duncaniae       | 0.0490       | 0.0061 - 0.3921 | ✓ |
| Bacillota      | Anaerobutyricum    | Anaerobutyricum hallii           | 0.0490       | 0.0248 - 2.8146 | ✓ |
| Bacillota      | Oscillibacter      | Oscillibacter hominis            | 0.0462       | 0.0031 - 0.2985 | ✓ |
| Bacillota      | Christensenella    | Christensenella minuta           | 0.0462       | 0.0002 - 0.0442 | ↑ |
| Actinomycetota | Adlercreutzia      | Adlercreutzia hattorii           | 0.0443       | 0.0000 - 0.1395 | ✓ |
| Bacillota      | Faecalibacterium   | Faecalibacterium sp. I2-3-92     | 0.0414       | 0.0011 - 0.1501 | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides        | Bacteroides sp. D2               | 0.0404       | 0.0000 - 0.1164 | ✓ |
| Bacillota      | Coprococcus        | Coprococcus comes                | 0.0400       | 0.0127 - 1.8347 | ✓ |
| Bacillota      | Owariibacterium    | Owariibacterium komagatae        | 0.0381       | -               | □ |
| Bacillota      | Ruminococcus       | Ruminococcus sp. SR1/5           | 0.0333       | 0.0035 - 0.2233 | ✓ |
| Bacillota      | Faecalibacterium   | Faecalibacterium sp. IP-3-29     | 0.0300       | 0.0032 - 0.1746 | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides        | Bacteroides faecis               | 0.0295       | 0.0031 - 3.8390 | ✓ |
| Bacteroidota   | Parabacteroides    | Parabacteroides absconsus        | 0.0295       | -               | □ |
| Bacteroidota   | Duncaniella        | Duncaniella dubosii              | 0.0295       | 0.0000 - 0.0241 | ↑ |

| Phylum         | Genere               | Specie                                            | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|----------------|----------------------|---------------------------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacteroidota   | Bacteroides          | Bacteroides sp. DH3716P                           | 0.0276       | 0.0000 - 0.1188 | ✓ |
| Actinomycetota | Collinsella          | Collinsella aerofaciens                           | 0.0257       | 0.0004 - 1.4626 | ✓ |
| Bacillota      | Pseudoflavonifractor | Pseudoflavonifractor gallinarum                   | 0.0243       | -               | □ |
| Bacillota      | Faecalibacterium     | Faecalibacterium hominis (ex Afrizal et al. 2022) | 0.0233       | -               | □ |
| Bacillota      | Hungatella           | Hungatella sp. SB206                              | 0.0224       | -               | □ |
| Actinomycetota | Trueperella          | Trueperella pyogenes                              | 0.0224       | 0.0000 - 0.0020 | ↑ |
| Bacillota      | Enterocloster        | Enterocloster clostridioformis                    | 0.0219       | 0.0008 - 0.0961 | ✓ |
| Bacillota      | Faecalibacterium     | Faecalibacterium sp. I3-3-89                      | 0.0209       | 0.0026 - 0.8499 | ✓ |
| Bacillota      | Blautia              | Blautia sp. SC05B48                               | 0.0209       | 0.0065 - 0.1438 | ✓ |
| Bacillota      | Mediterraneibacter   | [Ruminococcus] torques                            | 0.0209       | 0.0416 - 2.3915 | ↓ |
| Bacillota      | Christensenella      | Christensenella sp. MSJ-20                        | 0.0209       | -               | □ |
| Bacillota      | Faecalibacterium     | Faecalibacterium sp. 7                            | 0.0205       | -               | □ |
| Bacillota      | Roseburia            | Roseburia hominis                                 | 0.0205       | 0.0255 - 1.7926 | ↓ |
| Bacteroidota   | Butyricimonas        | Butyricimonas faecalis                            | 0.0200       | 0.0002 - 0.5907 | ✓ |
| Bacillota      | Subdoligranulum      | Subdoligranulum variabile                         | 0.0195       | 0.0016 - 0.1440 | ✓ |
| Bacteroidota   | Parabacteroides      | Parabacteroides goldsteinii                       | 0.0190       | 0.0005 - 0.7708 | ✓ |
| Bacteroidota   | Phocaeicola          | Phocaeicola coprophilus                           | 0.0186       | 0.0005 - 3.4345 | ✓ |
| Bacteroidota   | Alistipes            | uncultured Alistipes sp.                          | 0.0176       | 0.0003 - 0.5480 | ✓ |
| Bacillota      | Clostridium          | Clostridium sp. M62/1                             | 0.0176       | 0.0063 - 0.4656 | ✓ |
| Bacillota      | Mediterraneibacter   | Mediterraneibacter glycyrrhizinilyticus           | 0.0176       | -               | □ |
| Bacteroidota   | Bacteroides          | Bacteroides sp. CG01                              | 0.0167       | -               | □ |
| Bacteroidota   | Bacteroides          | Bacteroides salyersiae                            | 0.0167       | 0.0015 - 2.5685 | ✓ |
| Bacteroidota   | Barnesiella          | Barnesiella sp. An22                              | 0.0167       | 0.0003 - 0.4290 | ✓ |

| Phylum         | Genere            | Specie                         | Abbondanza % | Popolazione %    |   |
|----------------|-------------------|--------------------------------|--------------|------------------|---|
| Bacillota      | Simiaoa           | Simiaoa sunii                  | 0.0167       | 0.0070 - 8.3300  | ✓ |
| Bacillota      | Sellimonas        | Sellimonas intestinalis        | 0.0162       | 0.0003 - 0.0839  | ✓ |
| Bacillota      | Holdemanina       | Holdemanina massiliensis       | 0.0148       | -                | □ |
| Bacteroidota   | Alistipes         | Alistipes sp. i18-0019-D1      | 0.0143       | -                | □ |
| Bacteroidota   | Alistipes         | Alistipes megaguti             | 0.0143       | 0.0000 - 0.1899  | ✓ |
| Bacillota      | Anaerostipes      | Anaerostipes hadrus            | 0.0138       | 0.0140 - 4.0383  | ↓ |
| Bacillota      | Faecalibacterium  | Faecalibacterium sp. I4-1-79   | 0.0133       | 0.0027 - 0.4393  | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides sp. KFT8           | 0.0128       | -                | □ |
| Bacillota      | Faecalibacterium  | Faecalibacterium sp. I3-3-33   | 0.0124       | 0.0021 - 0.1790  | ✓ |
| Bacillota      | Faecalibacterium  | Faecalibacterium wellingii     | 0.0124       | -                | □ |
| Bacillota      | Sellimonas        | Sellimonas catena              | 0.0124       | -                | □ |
| Actinomycetota | Eggerthella       | Eggerthella lenta              | 0.0119       | 0.0001 - 0.0809  | ✓ |
| Bacillota      | Subdoligranulum   | uncultured Subdoligranulum sp. | 0.0100       | 0.0003 - 0.1013  | ✓ |
| Bacillota      | Lachnoclostridium | [Clostridium] scindens         | 0.0100       | 0.0071 - 0.2308  | ✓ |
| Bacillota      | Agathobacter      | Agathobacter rectalis          | 0.0095       | 0.0438 - 16.0757 | ↓ |
| Bacillota      | Enterococcus      | Enterococcus faecium           | 0.0095       | 0.0005 - 0.0584  | ✓ |
| Bacillota      | Roseburia         | Roseburia intestinalis         | 0.0086       | 0.0354 - 5.6088  | ↓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides sp. HF-162         | 0.0081       | 0.0003 - 0.1011  | ✓ |
| Bacillota      | Clostridium       | [Clostridium] innocuum         | 0.0081       | -                | □ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides sp. CACC 737       | 0.0076       | 0.0002 - 0.1416  | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides humanifacis        | 0.0076       | 0.0003 - 0.1328  | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides finegoldii         | 0.0076       | 0.0006 - 0.6408  | ✓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides caecimuris         | 0.0076       | 0.0008 - 0.0909  | ✓ |

| Phylum                     | Genere           | Specie                       | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|----------------------------|------------------|------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacteroidota               | Parabacteroides  | Parabacteroides chongii      | 0.0076       | 0.0000 - 0.0548 | ✓ |
| Actinomycetota             | Adlercreutzia    | Adlercreutzia equolifaciens  | 0.0076       | 0.0000 - 0.1532 | ✓ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides sp. A1C1         | 0.0071       | 0.0006 - 0.1645 | ✓ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides zhangwenhongii   | 0.0062       | 0.0006 - 0.1071 | ✓ |
| Thermodesulfobact<br>eriot | Desulfovibrio    | Desulfovibrio piger          | 0.0062       | 0.0000 - 0.5872 | ✓ |
| Bacillota                  | Faecalibacterium | Faecalibacterium sp. IP-1-18 | 0.0062       | 0.0013 - 0.1043 | ✓ |
| Bacillota                  | Blautia          | Blautia producta             | 0.0062       | 0.0003 - 0.0368 | ✓ |
| Bacillota                  | Eshraghiella     | Eshraghiella crossota        | 0.0062       | -               | □ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides maternus         | 0.0057       | -               | □ |
| Bacillota                  | Dialister        | Dialister sp.                | 0.0057       | -               | □ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides luhongzhouii     | 0.0052       | 0.0002 - 0.0592 | ✓ |
| Bacillota                  | Solibaculum      | Solibaculum mannosilyticum   | 0.0052       | 0.0003 - 0.0409 | ✓ |
| Bacillota                  | Eubacterium      | Eubacterium callanderi       | 0.0052       | 0.0010 - 0.0960 | ✓ |
| Bacillota                  | Wansuia          | Wansuia hejianensis          | 0.0052       | 0.0011 - 0.0461 | ✓ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides difficilis       | 0.0048       | -               | □ |
| Bacteroidota               | Parabacteroides  | Parabacteroides sp. CT06     | 0.0048       | 0.0000 - 0.0396 | ✓ |
| Pseudomonadota             | Sutterella       | Sutterella megalosphaeroides | 0.0048       | 0.0000 - 0.0104 | ✓ |
| Bacillota                  | Blautia          | Blautia parvula              | 0.0048       | 0.0001 - 0.0214 | ✓ |
| Bacillota                  | Christensenella  | Christensenella massiliensis | 0.0048       | 0.0000 - 0.0390 | ✓ |
| Bacteroidota               | Bacteroides      | Bacteroides faecium          | 0.0043       | 0.0001 - 0.0740 | ✓ |
| Bacillota                  | Acutalibacter    | Acutalibacter muris          | 0.0043       | 0.0000 - 0.0123 | ✓ |
| Bacillota                  | Claveliimonas    | Claveliimonas bilis          | 0.0043       | 0.0005 - 0.0377 | ✓ |
| Pseudomonadota             | Enterobacter     | Enterobacter roggenkampii    | 0.0038       | 0.0000 - 0.0003 | ↑ |

| Phylum            | Genere          | Specie                            | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|-------------------|-----------------|-----------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacillota         | Clostridium     | Clostridium sp. 10cd*             | 0.0038       | -               | □ |
| Bacillota         | Lachnospira     | Lachnospira eligens               | 0.0038       | 0.0055 - 5.7886 | ↓ |
| Bacillota         | Thomasclavelia  | Thomasclavelia ramosa             | 0.0038       | 0.0015 - 0.0633 | ✓ |
| Actinomycetota    | Parolsenella    | Parolsenella massiliensis         | 0.0038       | 0.0000 - 0.0027 | ↑ |
| Bacteroidota      | Parabacteroides | Parabacteroides sp. ASD2025       | 0.0033       | -               | □ |
| Bacillota         | Agathobaculum   | Agathobaculum massiliense         | 0.0033       | -               | □ |
| Bacillota         | Eubacterium     | Eubacterium ramulus               | 0.0033       | -               | □ |
| Bacillota         | Blautia         | Blautia luti                      | 0.0033       | 0.0141 - 0.3592 | ↓ |
| Bacillota         | Sellimonas      | Sellimonas caecigallum            | 0.0033       | -               | □ |
| Bacillota         | Otoolea         | [Clostridium] symbiosum           | 0.0033       | 0.0006 - 0.1091 | ✓ |
| Actinomycetota    | Bifidobacterium | Bifidobacterium pseudocatenulatum | 0.0033       | 0.0000 - 0.3042 | ✓ |
| Actinomycetota    | Rothia          | Rothia mucilaginosa               | 0.0033       | 0.0000 - 0.0264 | ✓ |
| Bacteroidota      | Segatella       | Segatella hominis                 | 0.0029       | 0.0000 - 1.7301 | ✓ |
| Bacillota         | Butyricoccus    | Butyricoccus porcorum             | 0.0029       | -               | □ |
| Bacillota         | Clostridium     | Clostridium cadaveris             | 0.0029       | 0.0000 - 0.0349 | ✓ |
| Bacillota         | Lactonifactor   | Lactonifactor longoviformis       | 0.0029       | -               | □ |
| Bacillota         | Amedibacillus   | [Eubacterium] hominis             | 0.0029       | -               | □ |
| Bacillota         | Faecalibacillus | Faecalibacillus intestinalis      | 0.0029       | 0.0008 - 1.1671 | ✓ |
| Phixviricota      |                 | Parabacteroides phage YZ-2015b    | 0.0029       | 0.0000 - 0.0023 | ↑ |
| Bacteroidota      | Bacteroides     | Bacteroides eggerthii             | 0.0024       | 0.0020 - 7.9557 | ✓ |
| Bacteroidota      | Parabacteroides | Parabacteroides faecis            | 0.0024       | 0.0000 - 0.0209 | ✓ |
| Bacteroidota      | Porphyromonas   | Porphyromonas gingivalis          | 0.0024       | 0.0000 - 0.0272 | ✓ |
| Verrucomicrobiota | Akkermansia     | Akkermansia massiliensis          | 0.0024       | 0.0000 - 0.0235 | ✓ |

| Phylum         | Genere            | Specie                            | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|----------------|-------------------|-----------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Pseudomonadota | Duodenibacillus   | Duodenibacillus massiliensis      | 0.0024       | 0.0000 - 0.6633 | ✓ |
| Bacillota      | Ruminococcus      | Ruminococcus champanellensis      | 0.0024       | 0.0001 - 0.4736 | ✓ |
| Bacillota      | Chordicoccus      | Chordicoccus furentiruminis       | 0.0024       | 0.0001 - 0.0115 | ✓ |
| Bacillota      | Dialister         | Dialister succinatiphilus         | 0.0024       | 0.0000 - 1.4794 | ✓ |
| Bacillota      | Acidaminococcus   | Acidaminococcus timonensis        | 0.0024       | -               | □ |
| Bacillota      | Lactococcus       | Lactococcus sp.                   | 0.0024       | 0.0000 - 0.0017 | ↑ |
| Pseudomonadota | Citrobacter       | Citrobacter freundii              | 0.0019       | 0.0000 - 0.0007 | ↑ |
| Pseudomonadota | Sutterella        | Sutterella faecalis               | 0.0019       | 0.0000 - 0.0223 | ✓ |
| Bacillota      | Ruminococcus      | Ruminococcus bovis                | 0.0019       | 0.0000 - 0.1080 | ✓ |
| Bacillota      | Intestinibacillus | Intestinibacillus sp. NTUH-41-i26 | 0.0019       | 0.0006 - 0.0392 | ✓ |
| Bacillota      | Roseburia         | Roseburia rectibacter             | 0.0019       | 0.0029 - 0.1856 | ↓ |
| Bacillota      | Lacrimispora      | Lacrimispora xylanisolvans        | 0.0019       | 0.0000 - 0.0021 | ✓ |
| Bacillota      | Cellulosilyticum  | Cellulosilyticum sp. WCF-2        | 0.0019       | 0.0000 - 0.0013 | ↑ |
| Bacillota      | Longicatena       | Longicatena caecimuris            | 0.0019       | 0.0005 - 0.0371 | ✓ |
| Actinomycetota | Bifidobacterium   | Bifidobacterium breve             | 0.0019       | 0.0001 - 0.0100 | ✓ |
| Actinomycetota | Collinsella       | Collinsella sp. i05-0019-G5       | 0.0019       | -               | □ |
| Bacteroidota   | Muribaculum       | Muribaculum intestinale           | 0.0014       | 0.0000 - 0.0088 | ✓ |
| Pseudomonadota | Citrobacter       | Citrobacter farmeri               | 0.0014       | 0.0000 - 0.0001 | ↑ |
| Bacillota      | Clostridium       | Clostridium perfringens           | 0.0014       | 0.0008 - 0.0454 | ✓ |
| Bacillota      | Blautia           | Blautia hansenii                  | 0.0014       | 0.0006 - 0.0254 | ✓ |
| Bacillota      | Lachnoclostridium | [Clostridium] hylemonae           | 0.0014       | 0.0006 - 0.0422 | ✓ |
| Bacillota      | Lacrimispora      | Lacrimispora saccharolytica       | 0.0014       | 0.0003 - 0.0152 | ✓ |
| Bacillota      | Cellulosilyticum  | Cellulosilyticum sp. ST5          | 0.0014       | -               | □ |

| Phylum                         | Genere                   | Specie                                | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|--------------------------------|--------------------------|---------------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Actinomycetota                 | Enorma                   | Enorma phocaeensis                    | 0.0014       | 0.0000 - 0.0023 | ✓ |
| Bacteroidota                   | Muribaculum              | Muribaculum gordoncarteri             | 0.0010       | 0.0000 - 0.0188 | ✓ |
| Bacteroidota                   | Algoriphagus             | Algoriphagus halophilus               | 0.0010       | -               | □ |
| Bacteroidota                   | Riemerella               | Riemerella anatipestifer              | 0.0010       | 0.0000 - 0.0002 | ↑ |
| Verrucomicrobiota              | Akkermansia              | Akkermansia sp. BCRC 18949            | 0.0010       | -               | □ |
| Pseudomonadota                 | Shigella                 | Shigella boydii                       | 0.0010       | 0.0000 - 0.0002 | ↑ |
| Pseudomonadota                 | Shigella                 | Shigella dysenteriae                  | 0.0010       | 0.0000 - 0.0005 | ↑ |
| Campylobacterota               | Campylobacter            | Campylobacter coli                    | 0.0010       | 0.0000 - 0.0034 | ✓ |
| Bacillota                      | Proteiniclasticum        | Proteiniclasticum sp. QWL-01          | 0.0010       | 0.0000 - 0.0026 | ✓ |
| Bacillota                      | Eubacterium              | Eubacterium limosum                   | 0.0010       | 0.0000 - 0.0073 | ✓ |
| Bacillota                      | Eubacterium              | Eubacterium ventriosum                | 0.0010       | 0.0029 - 0.8717 | ↓ |
| Bacillota                      | Eubacterium              | Eubacterium maltosivorans             | 0.0010       | 0.0000 - 0.0174 | ✓ |
| Bacillota                      | Coprococcus              | Coprococcus sp. ART55/1               | 0.0010       | 0.0024 - 6.8428 | ↓ |
| Bacillota                      | Butyrivibrio             | Butyrivibrio sp. JL13D10              | 0.0010       | -               | □ |
| Bacillota                      | Amedibacterium           | Amedibacterium intestinale            | 0.0010       | 0.0003 - 0.0292 | ✓ |
| Bacillota                      | Catenibacterium          | Catenibacterium sp. co_0103           | 0.0010       | -               | □ |
| Bacillota                      | Turicibacter             | Turicibacter bilis                    | 0.0010       | 0.0000 - 0.0267 | ✓ |
| Actinomycetota                 | Schaalia                 | Schaalia odontolytica                 | 0.0010       | 0.0000 - 0.0238 | ✓ |
| Actinomycetota                 | Schaalia                 | Schaalia sp. HMT-172                  | 0.0010       | 0.0000 - 0.0068 | ✓ |
| Actinomycetota                 | Olsenella                | Olsenella sp. oral taxon 807          | 0.0010       | 0.0000 - 0.0028 | ✓ |
| Actinomycetota                 | Parafannyhessea          | Parafannyhessea umbonata              | 0.0010       | 0.0000 - 0.0014 | ✓ |
| Candidatus<br>Saccharimonadota | Candidatus<br>Southlakia | Candidatus Southlakia<br>epibionticum | 0.0010       | -               | □ |
| Uroviricota                    | Toutatisvirus            | Bacteroides phage B124-14             | 0.0010       | 0.0000 - 0.0001 | ↑ |

| Phylum            | Genere           | Specie                          | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|-------------------|------------------|---------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacteroidota      | Bacteroides      | Bacteroides sp. KG123           | 0.0005       | -               | □ |
| Bacteroidota      | Bacteroides      | Bacteroides heparinolyticus     | 0.0005       | 0.0001 - 0.0072 | ✓ |
| Bacteroidota      | Bacteroides      | Bacteroides pyogenes            | 0.0005       | -               | □ |
| Bacteroidota      | Prevotella       | Prevotella bivia                | 0.0005       | 0.0000 - 0.0756 | ✓ |
| Bacteroidota      | Prevotella       | Prevotella intermedia           | 0.0005       | 0.0001 - 0.0575 | ✓ |
| Bacteroidota      | Prevotella       | Prevotella melaninogenica       | 0.0005       | 0.0000 - 0.0311 | ✓ |
| Bacteroidota      | Hoyleseella      | Hoyleseella enoeca              | 0.0005       | 0.0000 - 0.0069 | ✓ |
| Bacteroidota      | Larkinella       | Larkinella insperata            | 0.0005       | 0.0000 - 0.0001 | ↑ |
| Bacteroidota      | Spirosoma        | Spirosoma aerolatum             | 0.0005       | -               | □ |
| Bacteroidota      | Ornithobacterium | Ornithobacterium rhinotracheale | 0.0005       | 0.0000 - 0.0008 | ✓ |
| Bacteroidota      | Paraflavitalea   | Paraflavitalea soli             | 0.0005       | 0.0000 - 0.0001 | ↑ |
| Verrucomicrobiota | Akkermansia      | Akkermansia sp. AE01SA01        | 0.0005       | 0.0000 - 0.0006 | ✓ |
| Verrucomicrobiota | Akkermansia      | Akkermansia glycaniphila        | 0.0005       | 0.0000 - 0.0002 | ↑ |
| Planctomycetota   | Stieleria        | Stieleria neptunia              | 0.0005       | -               | □ |
| Planctomycetota   | Mucisphaera      | Mucisphaera calidilacus         | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota    | Enterobacter     | Enterobacter kobei              | 0.0005       | 0.0000 - 0.0002 | ↑ |
| Pseudomonadota    | Citrobacter      | Citrobacter werkmanii           | 0.0005       | 0.0000 - 0.0000 | ↑ |
| Pseudomonadota    | Citrobacter      | Citrobacter portucalensis       | 0.0005       | 0.0000 - 0.0002 | ↑ |
| Pseudomonadota    | Klebsiella       | Klebsiella oxytoca              | 0.0005       | 0.0000 - 0.0003 | ↑ |
| Pseudomonadota    | Klebsiella       | Klebsiella michiganensis        | 0.0005       | 0.0000 - 0.0008 | ✓ |
| Pseudomonadota    | Klebsiella       | Klebsiella pneumoniae           | 0.0005       | 0.0000 - 0.0153 | ✓ |
| Pseudomonadota    | Atlantibacter    | Atlantibacter hermannii         | 0.0005       | 0.0000 - 0.0001 | ↑ |
| Pseudomonadota    | Erwinia          | Erwinia billingiae              | 0.0005       | -               | □ |

| Phylum                     | Genere           | Specie                       | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|----------------------------|------------------|------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Pseudomonadota             | Haemophilus      | Haemophilus parainfluenzae   | 0.0005       | 0.0001 - 0.6474 | ✓ |
| Pseudomonadota             | Gallibacterium   | Gallibacterium salpingitidis | 0.0005       | 0.0000 - 0.0015 | ✓ |
| Pseudomonadota             | Marilutibacter   | Marilutibacter maris         | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Cobetia          | Cobetia sp. L2A1             | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Vibrio           | Vibrio sp. SCSIO 43135       | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Pandoraea        | Pandoraea sp. XY-2           | 0.0005       | 0.0000 - 0.0000 | ↑ |
| Pseudomonadota             | Caldimonas       | Caldimonas aquatica          | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Aquibium         | Aquibium microcysteis        | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Rhizobium        | Rhizobium leguminosarum      | 0.0005       | 0.0000 - 0.0001 | ↑ |
| Pseudomonadota             | Oricola          | Oricola thermophila          | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Reyranella       | Reyranella sp.               | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Bosea            | Bosea sp. RAC05              | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Devosia          | Devosia rhodophyticola       | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Roseicitreum     | Roseicitreum antarcticum     | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Komagataeibacter | Komagataeibacter oboediens   | 0.0005       | 0.0000 - 0.0056 | ✓ |
| Pseudomonadota             | Roseomonas       | Roseomonas gilardii          | 0.0005       | 0.0000 - 0.0001 | ↑ |
| Pseudomonadota             | Sphingomonas     | Sphingomonas endolithica     | 0.0005       | -               | □ |
| Pseudomonadota             | Brevundimonas    | Brevundimonas sp. AJA228-03  | 0.0005       | -               | □ |
| Thermodesulfobact<br>erota | Desulfovibrio    | Desulfovibrio desulfuricans  | 0.0005       | 0.0000 - 0.0043 | ✓ |
| Thermodesulfobact<br>erota | Mailhella        | uncultured Mailhella sp.     | 0.0005       | 0.0000 - 0.0159 | ✓ |
| Thermodesulfobact<br>erota | Desulfosarcina   | Desulfosarcina ovata         | 0.0005       | 0.0000 - 0.0001 | ↑ |
| Myxococcota                | Anaeromyxobacter | Anaeromyxobacter paludicola  | 0.0005       | -               | □ |
| Myxococcota                | Nannocystis      | Nannocystis punicea          | 0.0005       | -               | □ |

| Phylum    | Genere             | Specie                                           | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|-----------|--------------------|--------------------------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacillota | Ruminococcus       | Ruminococcus sp. JE7B6                           | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota | Ruminococcus       | Ruminococcus sp. JL13D9                          | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota | Ruminococcus       | Ruminococcus gauvreauii                          | 0.0005       | 0.0000 - 0.0045 | ✓ |
| Bacillota | Ruminococcus       | Ruminococcus bicirculans (ex Wegman et al. 2014) | 0.0005       | 0.0009 - 5.7100 | ↓ |
| Bacillota | Bengtsoniella      | Bengtsoniella intestinalis                       | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota | Butyricicoccus     | Butyricicoccus sp. GAM44                         | 0.0005       | 0.0000 - 0.0052 | ✓ |
| Bacillota | Clostridium        | Clostridium sp. SY8519                           | 0.0005       | 0.0003 - 0.0571 | ✓ |
| Bacillota | Eubacterium        | Eubacterium sp. MSJ-33                           | 0.0005       | 0.0003 - 0.3461 | ✓ |
| Bacillota | Aristaeella        | Aristaeella hokkaidonensis                       | 0.0005       | 0.0000 - 0.0044 | ✓ |
| Bacillota | Blautia            | Blautia pseudococcoides                          | 0.0005       | 0.0003 - 0.0095 | ✓ |
| Bacillota | Blautia            | Blautia liquoris                                 | 0.0005       | 0.0001 - 0.0116 | ✓ |
| Bacillota | Coprococcus        | Coprococcus eutactus                             | 0.0005       | 0.0025 - 0.8525 | ↓ |
| Bacillota | Roseburia          | Roseburia sp. 499                                | 0.0005       | 0.0009 - 0.0524 | ↓ |
| Bacillota | Roseburia          | Roseburia sp. 831b                               | 0.0005       | 0.0009 - 0.0626 | ↓ |
| Bacillota | Anaerostipes       | Anaerostipes sp. PC18                            | 0.0005       | 0.0000 - 0.0052 | ✓ |
| Bacillota | Pseudobutyrvibrio  | Pseudobutyrvibrio xylanivorans                   | 0.0005       | 0.0000 - 0.0045 | ✓ |
| Bacillota | Qiania             | Qiania dongpingensis                             | 0.0005       | 0.0002 - 0.0205 | ✓ |
| Bacillota | Wujia              | Wujia chipingensis                               | 0.0005       | 0.0014 - 6.6971 | ↓ |
| Bacillota | Anaerotignum       | Anaerotignum sp. MB30-C6                         | 0.0005       | 0.0000 - 0.0007 | ✓ |
| Bacillota | Peptostreptococcus | Peptostreptococcus anaerobius                    | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota | Neomoorella        | Neomoorella carbonis                             | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota | Megasphaera        | Megasphaera sueciensis                           | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota | Megasphaera        | Megasphaera stantonii                            | 0.0005       | 0.0000 - 0.0021 | ✓ |

| Phylum         | Genere               | Specie                              | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|----------------|----------------------|-------------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacillota      | Megamonas            | Megamonas funiformis                | 0.0005       | 0.0000 - 0.4561 | ✓ |
| Bacillota      | Lactobacillus        | Lactobacillus delbrueckii           | 0.0005       | 0.0000 - 0.0023 | ✓ |
| Bacillota      | Secundilactobacillus | Secundilactobacillus malefermentans | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota      | Loigolactobacillus   | Loigolactobacillus backii           | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota      | Enterococcus         | Enterococcus faecalis               | 0.0005       | 0.0000 - 0.0033 | ✓ |
| Bacillota      | Enterococcus         | Enterococcus saigonensis            | 0.0005       | 0.0000 - 0.0007 | ✓ |
| Bacillota      | Streptococcus        | Streptococcus sp. A12               | 0.0005       | 0.0000 - 0.0055 | ✓ |
| Bacillota      | Streptococcus        | Streptococcus sp. NPS 308           | 0.0005       | 0.0000 - 0.0005 | ✓ |
| Bacillota      | Streptococcus        | Streptococcus suis                  | 0.0005       | 0.0004 - 0.0563 | ✓ |
| Bacillota      | Streptococcus        | Streptococcus agalactiae            | 0.0005       | 0.0000 - 0.0036 | ✓ |
| Bacillota      | Streptococcus        | Streptococcus acidominimus          | 0.0005       | 0.0000 - 0.0023 | ✓ |
| Bacillota      | Bacillus             | Bacillus infantis                   | 0.0005       | -               | □ |
| Bacillota      | Bacillus             | Bacillus paralicheniformis          | 0.0005       | 0.0000 - 0.0009 | ✓ |
| Bacillota      | Paenibacillus        | Paenibacillus sp. MMS20-IR301       | 0.0005       | 0.0000 - 0.0002 | ↑ |
| Bacillota      | Paenibacillus        | Paenibacillus mucilaginosus         | 0.0005       | 0.0000 - 0.0003 | ↑ |
| Bacillota      | Faecalibaculum       | Faecalibaculum rodentium            | 0.0005       | 0.0000 - 0.0021 | ✓ |
| Bacillota      | Catenibacterium      | Catenibacterium mitsuokai           | 0.0005       | 0.0003 - 0.6074 | ✓ |
| Actinomycetota | Bifidobacterium      | Bifidobacterium asteroides          | 0.0005       | 0.0000 - 0.0002 | ↑ |
| Actinomycetota | Actinomyces          | Actinomyces sp. oral taxon 414      | 0.0005       | 0.0000 - 0.0022 | ✓ |
| Actinomycetota | Rothia               | Rothia aeria                        | 0.0005       | 0.0000 - 0.0010 | ✓ |
| Actinomycetota | Pengzhenrongella     | Pengzhenrongella phosphoraccumulans | 0.0005       | -               | □ |
| Actinomycetota | Salinibacterium      | Salinibacterium sp. ZJ450           | 0.0005       | -               | □ |
| Actinomycetota | Streptomyces         | Streptomyces sp. SS7                | 0.0005       | -               | □ |

| Phylum         | Genere            | Specie                               | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|----------------|-------------------|--------------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Actinomycetota | Streptomyces      | Streptomyces sp. NBC_01550           | 0.0005       | -               | ☐ |
| Actinomycetota | Streptomyces      | Streptomyces sp. NBC_01591           | 0.0005       | -               | ☐ |
| Actinomycetota | Streptomyces      | Streptomyces formicae                | 0.0005       | -               | ☐ |
| Actinomycetota | Corynebacterium   | Corynebacterium durum                | 0.0005       | 0.0000 - 0.0027 | ✓ |
| Actinomycetota | Corynebacterium   | Corynebacterium<br>pyruviciproducens | 0.0005       | 0.0000 - 0.0004 | ↑ |
| Actinomycetota | Nocardia          | Nocardia asteroides                  | 0.0005       | -               | ☐ |
| Actinomycetota | Amycolatopsis     | Amycolatopsis rhabdoformis           | 0.0005       | -               | ☐ |
| Actinomycetota | Propionibacterium | Propionibacterium acidifaciens       | 0.0005       | 0.0000 - 0.0008 | ✓ |
| Actinomycetota | Eggerthella       | Eggerthella sp. YY7918               | 0.0005       | 0.0000 - 0.0043 | ✓ |
| Actinomycetota | Gordonibacter     | Gordonibacter urolithinifaciens      | 0.0005       | 0.0000 - 0.0245 | ✓ |
| Actinomycetota | Slackia           | Slackia exigua                       | 0.0005       | -               | ☐ |
| Actinomycetota | Parolsenella      | Parolsenella catena                  | 0.0005       | 0.0000 - 0.0278 | ✓ |
| Actinomycetota | Olsenella         | Olsenella timonensis                 | 0.0005       | 0.0000 - 0.0091 | ✓ |
| Deinococcota   | Deinococcus       | Deinococcus taeanensis               | 0.0005       | -               | ☐ |
| Deinococcota   | Deinococcus       | Deinococcus sp. KNUC1210             | 0.0005       | -               | ☐ |
| Deinococcota   | Deinococcus       | Deinococcus psychrotolerans          | 0.0005       | -               | ☐ |
| Synergistota   | Cloacibacillus    | Cloacibacillus evryensis             | 0.0005       | -               | ☐ |
| Basidiomycota  | Vanrija           | Vanrija pseudolonga                  | 0.0005       | -               | ☐ |
| Discosea       | Acanthamoeba      | Acanthamoeba healyi                  | 0.0004       | -               | ☐ |
| Preaxostyla    | Monocercomonoides | Monocercomonoides exilis             | 0.0003       | -               | ☐ |
| Bacteroidota   | Phocaeicola       | Phocaeicola salanitronis             | 0.0000       | 0.0006 - 0.4268 | ↓ |
| Bacteroidota   | Bacteroides       | Bacteroides helcogenes               | 0.0000       | 0.0000 - 0.0123 | ✓ |
| Bacteroidota   | Alistipes         | Alistipes ihumii                     | 0.0000       | 0.0000 - 0.5660 | ✓ |

| Phylum            | Genere             | Specie                         | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|-------------------|--------------------|--------------------------------|--------------|-----------------|---|
| Bacteroidota      | Paraprevotella     | Paraprevotella xylaniphila     | 0.0000       | 0.0001 - 0.5881 | ↓ |
| Bacteroidota      | Barnesiella        | Barnesiella viscericola        | 0.0000       | 0.0001 - 0.1200 | ↓ |
| Bacteroidota      | Coprobacter        | Coprobacter secundus           | 0.0000       | 0.0001 - 0.3361 | ↓ |
| Bacteroidota      | Leadbetterella     | Leadbetterella byssophila      | 0.0000       | 0.0000 - 0.0001 | ✓ |
| Pseudomonadota    | Thermochromatium   | Thermochromatium tepidum       | 0.0000       | 0.0000 - 0.0002 | ✓ |
| Pseudomonadota    | Castellaniella     | Castellaniella defragrans      | 0.0000       | -               | □ |
| Spirochaetota     | Treponema          | Treponema brennaborensis       | 0.0000       | 0.0000 - 0.0003 | ✓ |
| Bacillota         | Heliomicrobium     | Heliomicrobium modesticaldum   | 0.0000       | 0.0000 - 0.0003 | ✓ |
| Bacillota         | Blautia            | Blautia hydrogenotrophica      | 0.0000       | 0.0006 - 0.1281 | ↓ |
| Bacillota         | Enterocloster      | Enterocloster asparagiformis   | 0.0000       | 0.0034 - 0.2010 | ↓ |
| Bacillota         | Mediterraneibacter | [Ruminococcus] lactaris        | 0.0000       | 0.0039 - 1.3495 | ↓ |
| Bacillota         | Marvinbryantia     | Marvinbryantia formatexigens   | 0.0000       | 0.0005 - 0.0221 | ↓ |
| Bacillota         | Cellulosilyticum   | Cellulosilyticum lentocellum   | 0.0000       | 0.0000 - 0.0002 | ✓ |
| Bacillota         | Acidaminococcus    | Acidaminococcus fermentans     | 0.0000       | 0.0000 - 0.1698 | ✓ |
| Actinomycetota    | Bifidobacterium    | Bifidobacterium catenulatum    | 0.0000       | 0.0002 - 0.0898 | ↓ |
| Actinomycetota    | Gordonibacter      | Gordonibacter pamelaee         | 0.0000       | 0.0000 - 0.0292 | ✓ |
| Cyanobacteriota   | Trichocoleus       | Trichocoleus desertorum        | 0.0000       | -               | □ |
| Methanobacteriota | Methanofollis      | Methanofollis liminatans       | 0.0000       | -               | □ |
| Uroviricota       | Cohcovirus         | Cohcovirus splanchnicus        | 0.0000       | 0.0000 - 0.1090 | ✓ |
| Uroviricota       | Cohcovirus         | Cohcovirus hiberniae           | 0.0000       | 0.0000 - 0.0525 | ✓ |
| Uroviricota       | Canhaevirus        | Canhaevirus hiberniae          | 0.0000       | 0.0000 - 0.0338 | ✓ |
| Uroviricota       | Jahgtovirus        | Jahgtovirus intestinihominis   | 0.0000       | 0.0000 - 0.0364 | ✓ |
| Uroviricota       | Jahgtovirus        | Jahgtovirus gastrointestinalis | 0.0000       | 0.0000 - 0.0990 | ✓ |

| Phylum        | Genere         | Specie                   | Abbondanza % | Popolazione %   |   |
|---------------|----------------|--------------------------|--------------|-----------------|---|
| Uroviricota   | Jahgtovirus    | Jahgtovirus secundus     | 0.0000       | 0.0000 - 0.0364 | ✓ |
| Uroviricota   | Oengusvirus    | Oengusvirus oengus       | 0.0000       | 0.0000 - 0.0199 | ✓ |
| Uroviricota   | Toutatisvirus  | Toutatisvirus toutatis   | 0.0000       | 0.0000 - 0.0059 | ✓ |
| Oomycota      | Phytophthora   | Phytophthora palmivora   | 0.0000       | -               | □ |
| Apicomplexa   | Toxoplasma     | Toxoplasma gondii        | 0.0000       | -               | □ |
| Microsporidia | Enterocytozoon | Enterocytozoon bienewisi | 0.0000       | -               | □ |

## MICROBIOMA E METAGENOMICA

Lo studio del microbiota intestinale ha avuto inizio con l'impiego di metodologie colturali, basate sulla crescita dei microrganismi su terreni specifici in laboratorio. Sebbene questi approcci abbiano rappresentato un primo passo fondamentale per la caratterizzazione dell'ecosistema intestinale, presentano importanti limitazioni: molti microrganismi intestinali non sono coltivabili in condizioni artificiali, rendendo parziale l'analisi. Si stima infatti che le tecniche coltura-dipendenti permettano di esplorare soltanto il 20-30% della reale diversità microbica dell'intestino umano.

Con l'introduzione delle tecnologie molecolari, è stato possibile superare questi ostacoli. L'attenzione si è spostata dal microrganismo vivo al suo materiale genetico (DNA), che può essere estratto direttamente dal campione e analizzato in modo simultaneo e indipendente dalla coltura. Questo approccio, noto come metagenomica, consente uno studio molto più completo e rappresentativo del microbiota.

La tecnologia di riferimento per la metagenomica è il Next-Generation Sequencing (NGS), che richiede competenze avanzate sia in ambito laboratoristico che bioinformatico per garantire un'analisi accurata, affidabile e riproducibile.

## UTILITA' CLINICA DEL TEST

L'analisi metagenomica del microbiota intestinale fornisce una panoramica dettagliata della composizione microbica del tratto gastrointestinale, evidenziando la presenza di eventuali disbiosi e squilibri tra le principali popolazioni batteriche.

Questo test rappresenta uno strumento clinico innovativo e utile in molteplici contesti, tra cui:

- **Disturbi gastrointestinali funzionali e infiammatori:** come sindrome dell'intestino irritabile (IBS), malattia infiammatoria intestinale (IBD), colite, gonfiore e alterazioni dell'alvo.
- **Patologie metaboliche:** incluso sovrappeso, obesità, sindrome metabolica, insulino-resistenza e diabete di tipo 2.
- **Disordini del sistema immunitario:** come allergie, intolleranze alimentari, dermatiti, malattie autoimmuni e modulazione dell'infiammazione cronica.
- **Benessere mentale e neuropsichiatrico:** grazie all'asse intestino-cervello, il test può offrire spunti utili in caso di ansia, depressione, insonnia o alterazioni del tono dell'umore.
- **Supporto nutrizionale e integrazione mirata:** il profilo ottenuto consente interventi personalizzati attraverso dieta, prebiotici, probiotici e altri integratori mirati al ripristino dell'equilibrio microbico.

Il test offre inoltre la possibilità di monitorare nel tempo l'evoluzione del microbiota in risposta a trattamenti o cambiamenti dello stile di vita, supportando così un approccio clinico realmente personalizzato e basato su dati oggettivi.

## TECNOLOGIA E METODO DI ANALISI

Il test MioBioma Intestinal Care si basa sulla tecnologia **Next Generation Sequencing (NGS)** con approccio **Whole Genome Shotgun (WGS)**, che consente l'analisi dettagliata e ad ampio spettro dell'intero DNA microbico presente nel campione fecale.

Il processo analitico prevede le seguenti fasi:

- **Estrazione del DNA microbico** dal campione fecale.
- **Sequenziamento shotgun** dell'intero DNA estratto, per catturare la massima diversità microbica possibile.
- **Classificazione tassonomica e funzionale** dei microrganismi presenti, mediante confronto con database di riferimento aggiornati e validati.
- **Quantificazione relativa** delle specie microbiche identificate, con calcolo di indici ecologici e metabolici.

Questa metodica permette non solo di determinare la **composizione del microbiota** intestinale (a livello di phylum, genere e specie), ma anche di stimare la **capacità funzionale** della comunità batterica, individuando eventuali squilibri (disbiosi), la presenza di microrganismi potenzialmente patogeni, probiotici e produttori di metaboliti chiave per la salute dell'intestino e dell'intero organismo.

## LIMITI DEL TEST

Il presente test non ha valore diagnostico. Rappresenta una fotografia del microbiota intestinale del soggetto al momento del campionamento, ottenuta mediante sequenziamento metagenomico shot-gun dell'intero DNA microbico estratto dal campione fecale. I risultati forniti riguardano esclusivamente la composizione tassonomica e funzionale del microbiota intestinale e devono essere interpretati nel contesto clinico individuale, in collaborazione con un professionista qualificato.

L'analisi si basa sul confronto tra il microbiota del soggetto e un ampio database di riferimento composto da campioni di soggetti adulti sani. Tuttavia, le caratteristiche individuali (età, dieta, stile di vita, farmaci, patologie pregresse o attuali) possono influenzare significativamente la composizione del microbiota e non sono considerate nell'analisi automatica.

Inoltre: La rilevazione dei microrganismi si basa sull'abbondanza relativa e non può distinguere tra ceppi patogeni e non patogeni all'interno della stessa specie. Il test non rileva direttamente attività metaboliche, infiammazioni, infezioni in corso o condizioni cliniche specifiche.

Alcune specie a bassa abbondanza potrebbero non essere rilevate o potrebbero risultare sotto-stimate a causa della soglia di sensibilità della tecnologia utilizzata.

La presenza di DNA umano nel campione, se in quantità elevate, può ridurre la qualità e l'affidabilità dell'analisi. Le indicazioni nutrizionali e integrative fornite nel referto hanno valore orientativo e non sostituiscono la valutazione medica o dietistica personalizzata.

## BIBLIOGRAFIA

1. Chiu CY, Miller SA. Clinical metagenomics. Nat Rev Genet. 2019;20(6):341-355. doi:10.1038/s41576-019-0113-7
2. Hirayama M, Nishiwaki H, Hamaguchi T, et al. Meta-analysis of shotgun sequencing of gut microbiota in Parkinson's disease. NPJ Parkinsons Dis. 2024;10(1):14. doi:10.1038/s41531-024-00724-z
3. Gu W, Miller S, Chiu CY. Clinical applications of metagenomics next-generation sequencing in infectious diseases. Front Cell Infect Microbiol. 2024;14:11199093. doi:10.3389/fcimb.2024.11199093
4. International consensus statement on microbiome testing in clinical practice Porcari, Serena et al. The Lancet Gastroenterology & Hepatology, Volume 10, Issue 2, 154 - 167
5. Gao B, Chi L, Zhu Y, et al. An introduction to next generation sequencing bioinformatic analysis in gut microbiome studies. Biomolecules. 2021;11(4):530. doi:10.3390/biom11040530
6. Durazzi F, Sala C, Castellani G, et al. Comparison between 16S rRNA and shotgun sequencing data for the study of the human gut microbiome. Sci Rep. 2021;11:3030. doi:10.1038/s41598-021-82726-y