



**biome-x**  
dna predictive analysis

**GT Microbiome-X<sup>®</sup> advanced**

Report microbiota intestinale e ricerca patogeni

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

### ID REPORT

5566

Età



Sesso



Analisi

WGS Intestinale

Data Report

2025-10-01T14:31:09Z

**GT Microbiome-X®** 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> (bray-curtis)	<b>0.14</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> (shannon index)	<b>2.9578</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> (ratio)	<b>1.3927</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> (ratio)	<b>0.3086</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.			

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Parametro	Risultato		Popolazione
<b>Bacillota/Bacteroidota</b> (ratio)	<b>1.8528</b>	<span style="color: green;">●</span>	<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> (ratio)	<b>0.0004</b>	<span style="color: red;">●</span>	<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> (ratio)	<b>0.0001</b>	<span style="color: green;">●</span>	<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>	<span style="color: black;">●</span>	
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>0.46</b>	<span style="color: green;">●</span>	<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.			

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0



### Abbondanza di Gruppi Batterici Specifici

Parametro	Risultato		Popolazione
<b>Pseudomonadota</b> (proteobatteri)	<b>14.7959</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> (attinobatteri)	<b>8.455</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/ Faecalibacterium prausnitzii</b>	<b>0</b>	●	<b>0 ~ 0.0017</b>
Un rapporto elevato tra <i>Fusobacterium nucleatum</i> e <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> 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>9.84</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>1.1424</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>2.5473</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.			

**GT Microbiome-X® advanced** report v2.0



## Produzione di Metaboliti e Sostanze Bioattive

Parametro	Risultato		Popolazione
<b>Produttori di LPS</b>	<b>9.91</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>3.09</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>17.67</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>4.98</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>20.34</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>18.4</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>37.06</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.			

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Parametro	Risultato		Popolazione
<b>Produttori di Lattato</b>	<b>3.09</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>1.73</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>29.07</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>4.86</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>7.18</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>4.52</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>2.83</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>5.07</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.			

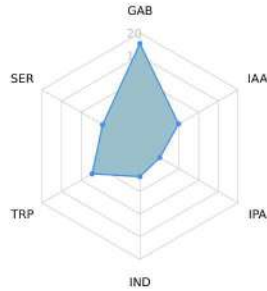
## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Parametro	Risultato		Popolazione
<b>Produttori di Vitamine B</b>	<b>27.7</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>4.35</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>44.03</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>15.67</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>14.93</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			

**GT Microbiome-X® advanced** report v2.0

**RIEPILOGO INDICI - RADAR CHART**

**Profilo Metaboliti Neuroattivi**



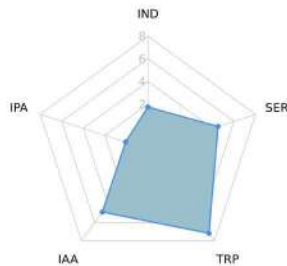
Valuta la capacità del microbiota di produrre molecole neuroattive come GABA (GAB), serotonina (SER), triptamina (TRP), indolo (IND), acido indol-3-propionico (IPA) e acido indol-3-acetico (IAA), tutte implicate nella comunicazione intestino-cervello.

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



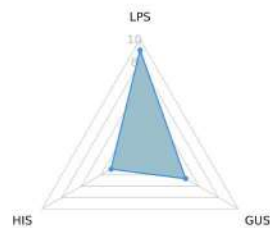
Descrive la produzione di Acidi Grassi a Catena Corta (SCFA) e altri metaboliti fondamentali per la salute intestinale e sistemica, tra cui acetato (Ace), propionato (Pro), butirato (But), lattato (Lat) e succinato (Succ).

**Profilo Metaboliti del Triptofano**



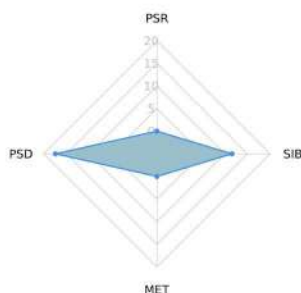
Analizza i principali cataboliti del triptofano prodotti dal microbiota, come indolo (IND), acido indol-3-propionico (IPA), acido indol-3-acetico (IAA), triptamina (TRP) e serotonina (SER), che hanno effetti su barriera intestinale, infiammazione e asse intestino-cervello.

**Marker di Permeabilità Intestinale**



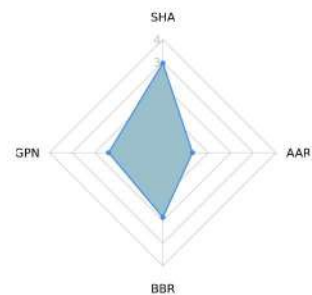
Evidenzia la presenza di marcatori associati ad aumentata permeabilità intestinale ("leaky gut"), come i produttori di Lipopolisaccaride (LPS), istamina (HIS) e Beta-glucuronidasi (GUS).

**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**



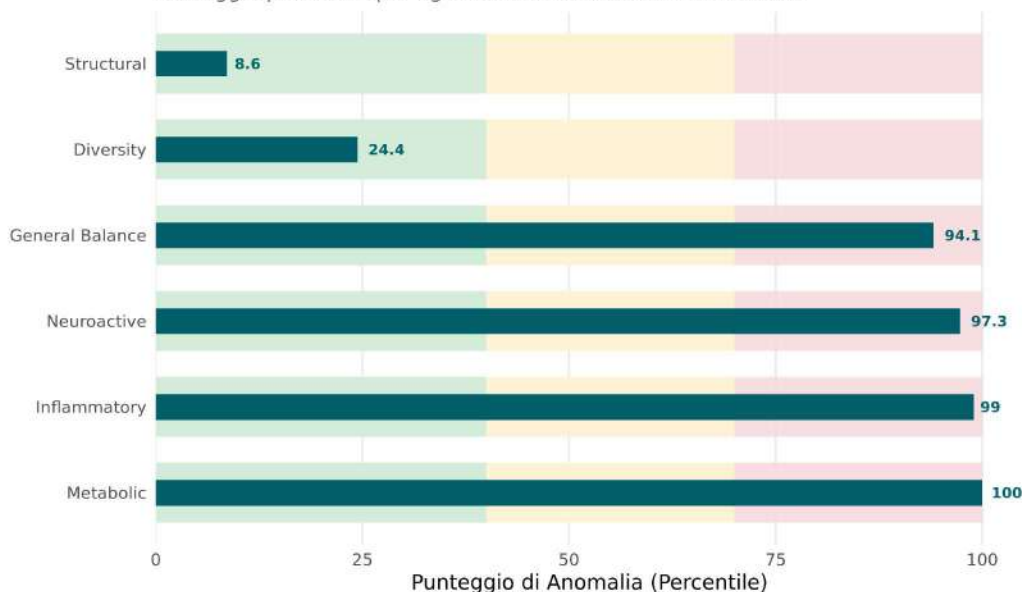
Fornisce una panoramica generale dell'equilibrio e della diversità della comunità batterica intestinale, attraverso l'Indice di Shannon (SHA), il rapporto Gram Positivi/Negativi (GPN), il rapporto Bacillota/Bacteroidota (BBR) e il rapporto Aerobi/Anaerobi (AAR), utili per interpretare lo stato di eubiosi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

**Classificazione**

**Popolazione**

70.6

PROFILO CON SQUILIBRIO  
MARCATO

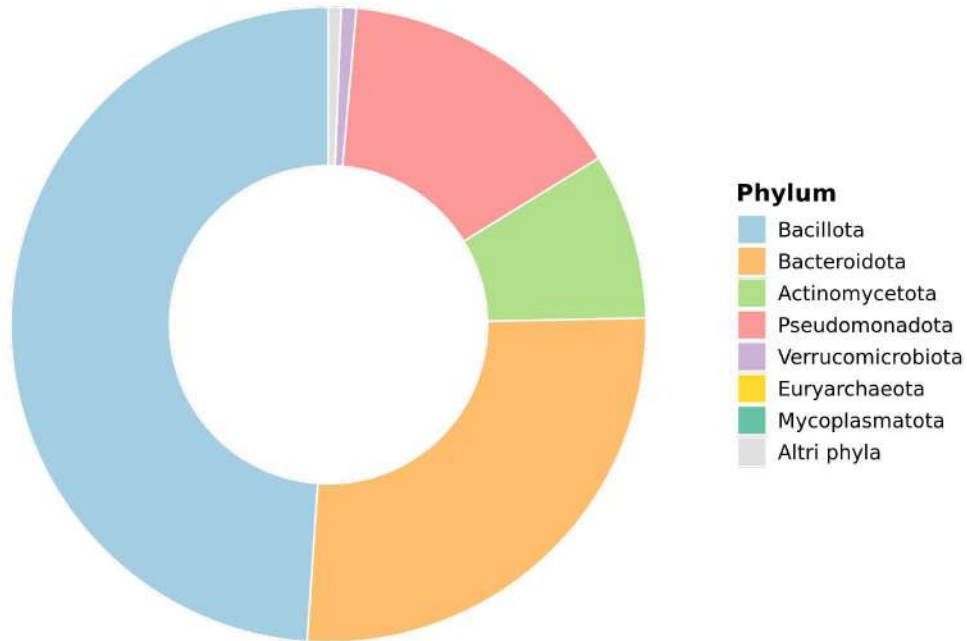


Eubiosi: 0-40  
Allerta: 41-70  
Dibiosi: 71-100

**GT Microbiome-X® advanced** report v2.0

**COMPOSIZIONE DEL MICROBIOMA**

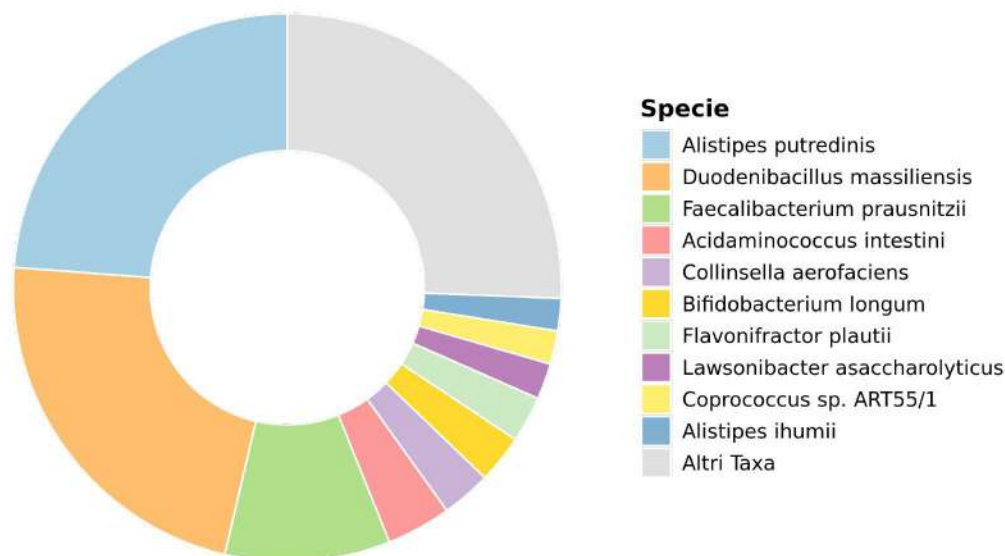
PYHLA



	Phylum	Abbondanza %		Popolazione
<span style="color: blue;">■</span>	Bacillota	48.9331	✓	11.8456 ~ 64.0040
<span style="color: orange;">■</span>	Bacteroidota	26.4103	✓	20.0042 ~ 84.8307
<span style="color: green;">■</span>	Actinomycetota	8.4550	✓	0.0512 ~ 8.4881
<span style="color: red;">■</span>	Pseudomonadota	14.7959	↑	0.0551 ~ 9.7703
<span style="color: purple;">■</span>	Verrucomicrobiota	0.7642	✓	0.0005 ~ 5.7301
<span style="color: yellow;">■</span>	Euryarchaeota	0.0000	✓	0.0000 ~ 1.1008
<span style="color: teal;">■</span>	Mycoplasmatota	0.0003	✓	0.0000 ~ 0.0103
<span style="color: grey;">■</span>	Altri phyla	0.6410	□	~

**GT Microbiome-X® advanced** report v2.0

**SPECIE**



- Specie**
- Alistipes putredinis
  - Duodenibacillus massiliensis
  - Faecalibacterium prausnitzii
  - Acidaminococcus intestini
  - Collinsella aerofaciens
  - Bifidobacterium longum
  - Flavonifractor plautii
  - Lawsonibacter asaccharolyticus
  - Coprococcus sp. ART55/1
  - Alistipes ihumii
  - Altri Taxa

Specie	Abbondanza %		Popolazione
<span style="color: lightblue;">■</span> Alistipes putredinis	23.82	□	~
<span style="color: orange;">■</span> Duodenibacillus massiliensis	22.51	↑	0.0000 ~ 0.6633
<span style="color: green;">■</span> Faecalibacterium prausnitzii	9.75	↑	0.0598 ~ 5.5107
<span style="color: red;">■</span> Acidaminococcus intestini	3.81	↑	0.0000 ~ 0.5019
<span style="color: purple;">■</span> Collinsella aerofaciens	2.92	↑	0.0004 ~ 1.4626
<span style="color: yellow;">■</span> Bifidobacterium longum	2.85	↑	0.0012 ~ 0.9456
<span style="color: lightgreen;">■</span> Flavonifractor plautii	2.72	↑	0.0124 ~ 0.6545
<span style="color: darkpurple;">■</span> Lawsonibacter asaccharolyticus	2.12	↑	0.0025 ~ 0.7584
<span style="color: yellow;">■</span> Coprococcus sp. ART55/1	1.97	✓	0.0024 ~ 6.8428
<span style="color: blue;">■</span> Alistipes ihumii	1.91	↑	0.0000 ~ 0.5660
<span style="color: grey;">■</span> Altri Taxa	25.61	□	~

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

### ARCHEA

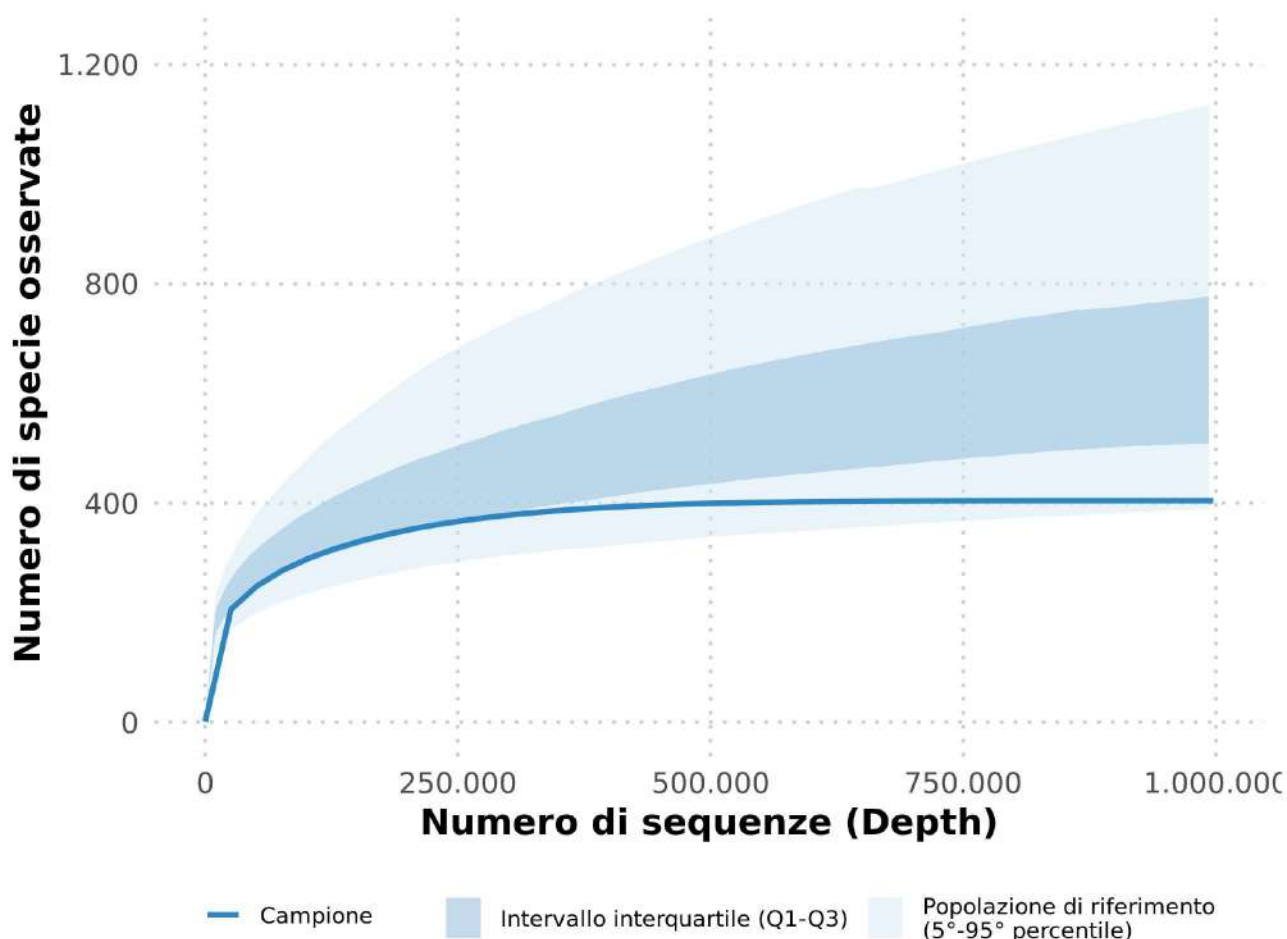
	Specie	Abbondanza %	Popolazione
	Archaea Assenti	0	-

## 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.

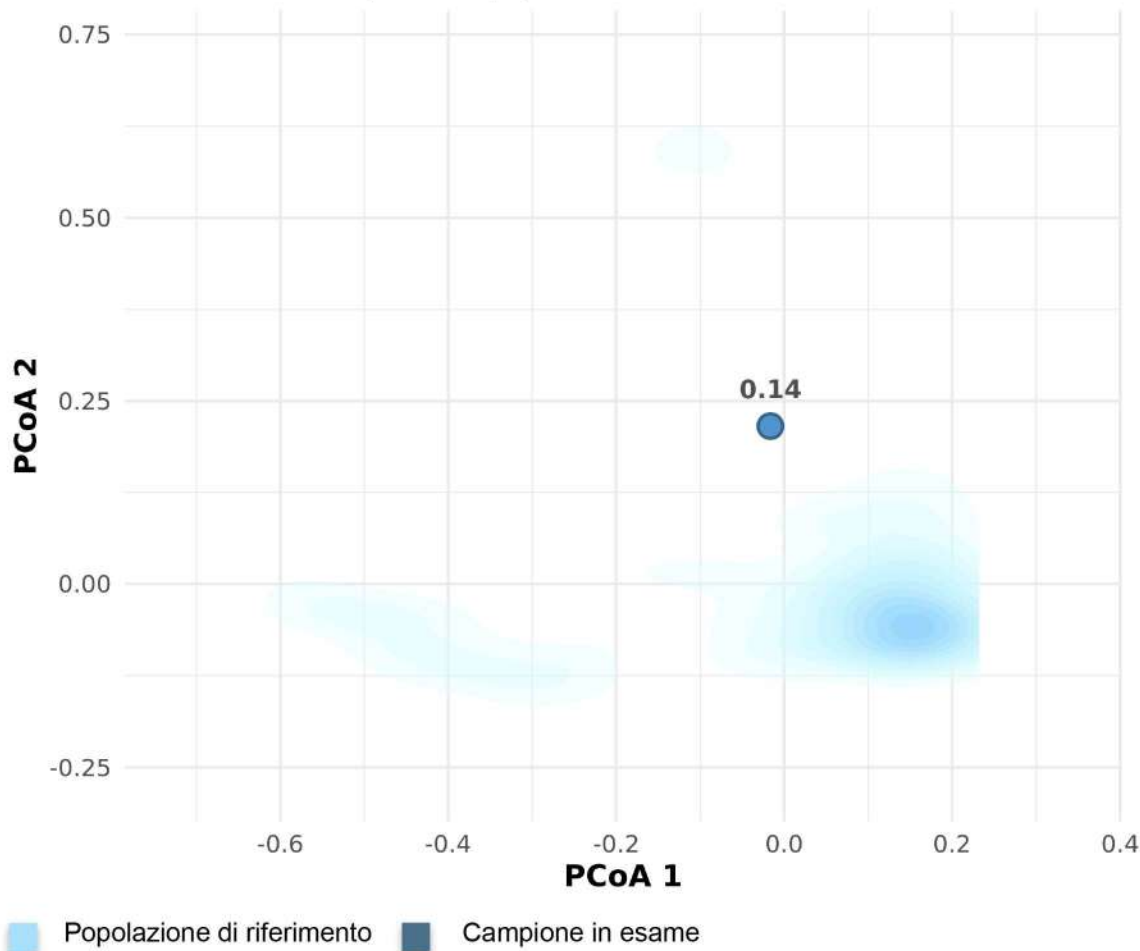
La nuvola grigia sullo sfondo visualizza la densità della distribuzione della popolazione di riferimento. Le aree più scure indicano dove i profili microbici si concentrano maggiormente all'interno dello spazio bidimensionale ridotto tramite PCoA. Questo approccio consente di identificare tendenze e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

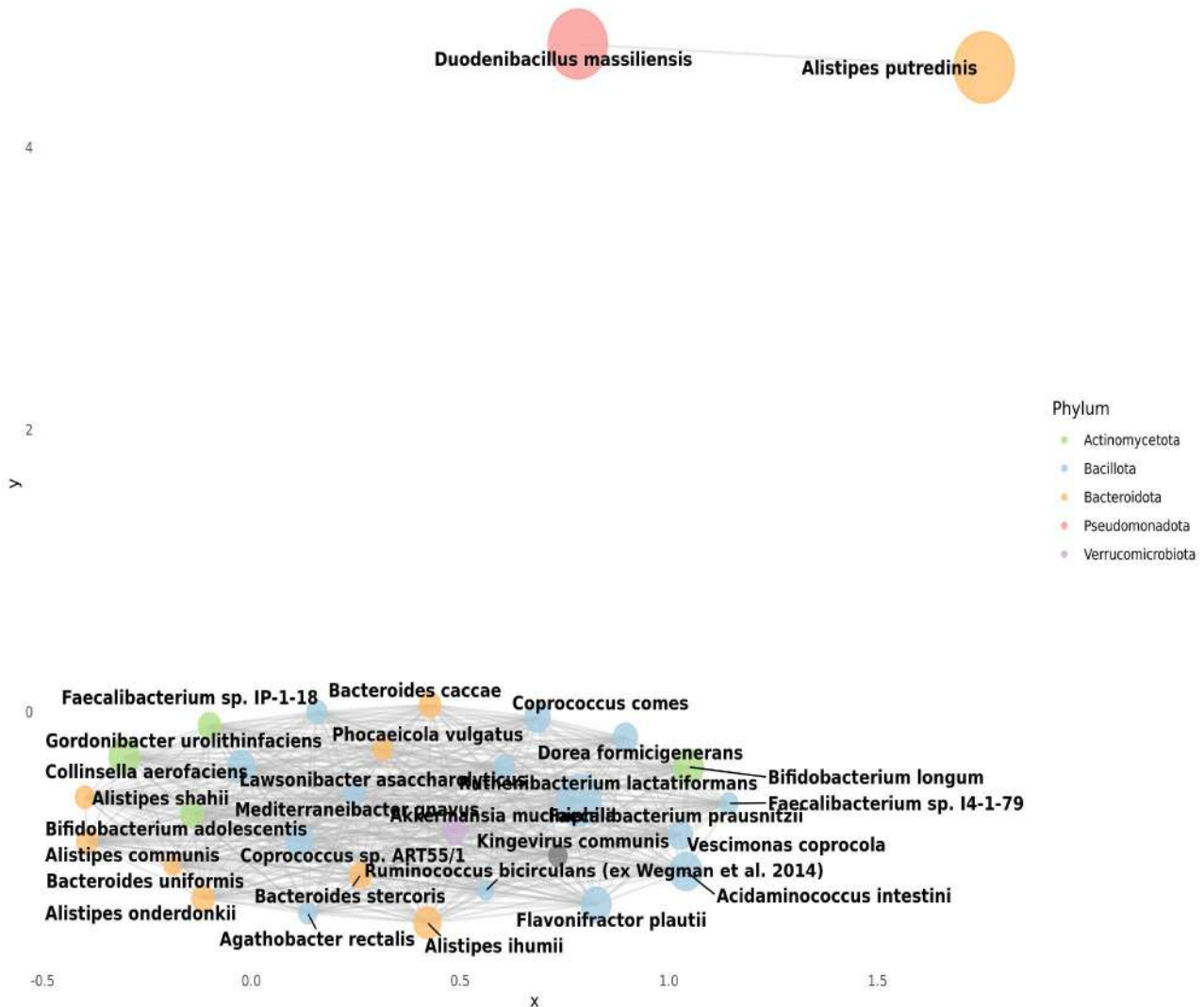
Confronto tra il campione e la popolazione di riferimento



## 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)



## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

### SPECIE NON BATTERICHE

Specie	Abbondanza %	Tipo
Kingevirus communis	0.5404	Virus
Aurodevirus hiberniae	0.0366	Virus
Brigitvirus brigit	0.0196	Virus
Culoivirus americanus	0.0125	Virus
Culoivirus intestinalis	0.0080	Virus
Culoivirus faecalis	0.0065	Virus
Canhaevirus faecalis	0.0020	Virus
Candidatus Nanosynbacter sp. HMT-352	0.0015	Fungo
Mahlunavirus rarus	0.0015	Virus
Lughvirus lugh	0.0015	Virus
Candidatus Tisiphia endosymbiont of Metellina segmentata	0.0010	Fungo
Candidatus Mycoplasma mahonii	0.0005	Fungo
Kahucivirus intestinalis	0.0005	Virus
Buorbuivirus hominis	0.0005	Virus
Eponavirus epona	0.0005	Virus
Toutatisvirus toutatis	0.0005	Virus

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0



### MICROORGANISMI POTENZIALMENTE PATOGENI

Specie	Stato	Abbondanza %
<b>Adenovirus</b> 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> Batterio ambientale presente in acque dolci e marine. Può causare gastroenteriti, soprattutto in soggetti immunocompromessi o in seguito a ingestione di acqua contaminata.	Assente	0.0000
<b>Astrovirus</b> 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> Batterio tra le principali cause di diarrea batterica. Può alterare il microbioma intestinale e causare infiammazione.	Presente	0.0060
<b>Campylobacter</b> Genere che include patogeni come C. jejuni e C. coli. Spesso associato a diarrea acuta e squilibri del microbiota.	Presente	0.0273
<b>Clostridioides difficile</b> Batterio anaerobio responsabile di colite post-antibiotico. Può formare biofilm con F. nucleatum ed è associato a peggior esito in pazienti IBD.	Presente	0.0246
<b>Cryptosporidium</b> Protozoo intestinale che causa diarrea acquosa, soprattutto in immunodepressi. Può alterare la barriera intestinale e il microbioma.	Assente	0.0000
<b>Entamoeba histolytica</b> Protozoo invasivo, può causare amebiasi intestinale con lesioni mucosali. Rilevante in contesti epidemiologici specifici.	Assente	0.0000
<b>Enteragggregative Escherichia coli</b> Ceppo di E. coli aderente alla mucosa intestinale, associato a diarrea persistente e alterazioni del microbiota.	Assente	0.0000
<b>Enteroinvasive Escherichia coli</b> Ceppo di E. coli con meccanismo invasivo simile alla Shigella. Può causare diarrea infiammatoria.	Assente	0.0000
<b>Enteropathogenic Escherichia coli</b> 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> Produce tossine enteriche che causano diarrea del viaggiatore. Può alterare temporaneamente la composizione del microbiota.	Assente	0.0000
<b>Escherichia coli O157</b> Ceppo enteroemorragico capace di produrre tossine. Associato a colite emorragica e complicanze sistemiche.	Assente	0.0000

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

<b>Giardia intestinalis</b> Protozoo enterico che causa diarrea, gonfiore e malassorbimento. Spesso responsabile di disbiosi.	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Klebsiella pneumoniae</b> Patogeno opportunisto; colonizza l'intestino e può traslocare, contribuendo a infezioni sistemiche e disbiosi marcata.	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Norovirus GI</b> Virus altamente contagioso, causa diarrea acuta. Presenza intestinale transitoria durante infezione	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Norovirus GII</b> Simile al GI, è tra le principali cause virali di diarrea. Presenza intestinale temporanea.	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Rotavirus</b> Virus enterico pediatrico, causa diarrea severa. Rilevabile nel microbioma durante fasi acute.	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Sapovirus</b> Virus enterico simile al Norovirus. Può causare diarrea lieve e influenzare temporaneamente il microbiota.	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Salmonella</b> 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> 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> Ceppi di E. coli produttori di verotossina, associati a gravi infezioni intestinali.	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Vibrio</b> 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> 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.

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0



### MICROORGANISMI BENEFICI

Specie	Stato	Abbondanza %
<b>Bacteroides fragilis</b> Contribuisce alla fermentazione dei carboidrati complessi e alla produzione di acidi grassi a catena corta, supportando la salute intestinale.	Presente	0.1474
<b>Bacteroides thetaiotaomicron</b> Aiuta nella digestione dei polisaccaridi e nella modulazione del sistema immunitario intestinale.	Presente	0.0246
<b>Bacteroides vulgatus</b> Partecipa alla degradazione dei carboidrati complessi e alla produzione di acidi grassi a catena corta.	Assente	0.0000
<b>Barnesiella intestinihominis</b> Contribuisce alla resistenza contro i patogeni intestinali e può modulare la risposta immunitaria.	Presente	0.4111
<b>Blautia obeum</b> Produce acidi grassi a catena corta essenziali per la salute intestinale e le funzioni metaboliche.	Presente	0.1870
<b>Collinsella aerofaciens</b> Partecipa alla fermentazione dei carboidrati e può influenzare la composizione del microbiota intestinale.	Presente	2.9155
<b>Collinsella stercoris</b> Contribuisce alla degradazione delle fibre alimentari e alla produzione di acidi grassi a catena corta.	Presente	0.0040
<b>Eubacterium rectale</b> Produce butirrato, supportando la salute del colon e con proprietà anti-infiammatorie.	Assente	0.0000
<b>Faecalibacterium prausnitzii</b> Uno dei principali produttori di butirrato, con effetti protettivi contro malattie infiammatorie intestinali.	Presente	9.7541
<b>Gemmiger formicilis</b> Fermenta carboidrati producendo acidi come il butirrato, contribuendo alla salute intestinale.	Assente	0.0000
<b>Parabacteroides distasonis</b> Contribuisce alla regolazione metabolica e può avere effetti benefici sull'infiammazione intestinale.	Presente	0.2055
<b>Parabacteroides merdae</b> Supporta l'omeostasi intestinale e partecipa alla degradazione dei carboidrati complessi.	Presente	0.2256
<b>Phascolarctobacterium faecium</b> Produce acidi grassi a catena corta come il propionato, importanti per la salute metabolica.	Assente	0.0000

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

<p><b>Roseburia intestinalis</b> Batterio produttore di butirrato con un ruolo centrale nella salute del colon e nella prevenzione dell'infiammazione.</p>	<b>Presente</b>	<b>0.1263</b>
<p><b>Ruminococcus bromii</b> Essenziale per la degradazione dell'amido resistente, contribuisce alla produzione di butirrato.</p>	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<p><b>Saccharomyces boulardii</b> Lievito probiotico utile nella prevenzione e trattamento della diarrea e disbiosi.</p>	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<p><b>Streptococcus thermophilus</b> Coinvolto nella fermentazione del lattosio, supporta la digestione e la salute intestinale.</p>	<b>Presente</b>	<b>0.0020</b>

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0



### PROBIOTICI

Specie	Stato	Abbondanza %
<b>Bacillus coagulans</b> 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> Produce acidi grassi a catena corta e vitamine B, contribuisce alla regolazione immunitaria e al mantenimento dell'omeostasi intestinale.	Presente	1.0728
<b>Bifidobacterium animalis</b> Aiuta nella digestione e nell'assorbimento dei nutrienti, contrastando i microrganismi patogeni.	Assente	0.0000
<b>Bifidobacterium bifidum</b> Supporta la digestione e aiuta a prevenire la crescita di batteri nocivi nell'intestino.	Presente	0.0005
<b>Bifidobacterium longum</b> Regola l'infiammazione, migliora la funzione della barriera intestinale e aumenta la produzione di acetato.	Presente	2.8473
<b>Clostridium butyricum</b> Produttore di butirato, migliora la salute intestinale e l'omeostasi immunitaria.	Assente	0.0000
<b>Escherichia coli Nissle 1917</b>  Ceppo non patogeno con effetti positivi nelle malattie infiammatorie intestinali.	Assente	0.0000
<b>Lactobacillus acidophilus</b> Supporta la salute intestinale, allevia la diarrea e riduce i sintomi dell'intestino irritabile.	Assente	0.0000
<b>Lactobacillus delbrueckii</b> Utilizzato nella fermentazione di latticini, contribuisce alla digestione del lattosio.	Assente	0.0000
<b>Lactobacillus johnsonii</b> Promuove l'equilibrio del microbiota intestinale e modula la risposta immunitaria.	Assente	0.0000
<b>Lactobacillus murinus</b> Contribuisce alla protezione dell'intestino contro i patogeni e supporta la salute intestinale.	Assente	0.0000
<b>Lactobacillus reuteri</b> Produce sostanze antimicrobiche e modula il sistema immunitario, supportando la salute intestinale.	Assente	0.0000
<b>Lactobacillus rhamnosus</b> Supporta l'equilibrio del microbiota intestinale e può prevenire infezioni gastrointestinali.	Assente	0.0000
<b>Lactococcus lactis</b> Impiegato nella fermentazione lattiero-casearia, favorisce la produzione di sostanze antimicrobiche e vitamine.	Assente	0.0000

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

<b>Propionibacterium freudenreichii</b> Produttore di acido propionico e vitamina B12, utile per il metabolismo intestinale.	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Saccharomyces boulardii</b> Lievito probiotico utile nella prevenzione e trattamento della diarrea e disbiosi.	<b>Assente</b>	<b>0.0000</b>
<b>Streptococcus thermophilus</b> Coinvolto nella fermentazione del lattosio, supporta la digestione e la salute intestinale.	<b>Presente</b>	<b>0.0020</b>

GT Microbiome-X® advanced report v2.0

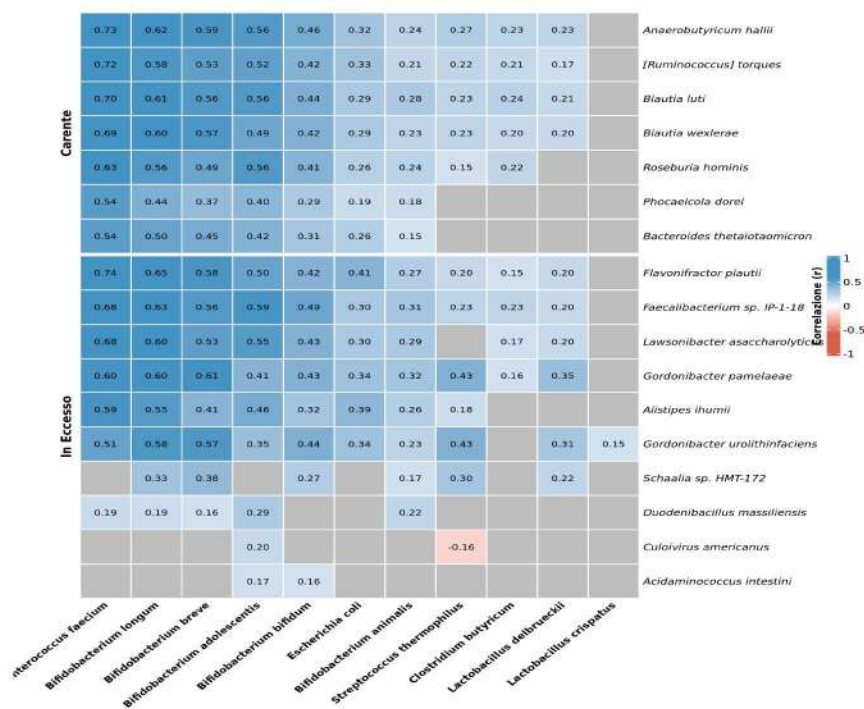


## MICROORGANISMI POTENZIALMENTE DANNOSI

Specie	Stato	Abbondanza %
<p><b>Bacteroides fragilis (ETBF)</b> Ceppo enterotossigeno 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.</p>	Assente	0.0000
<p><b>Clostridium sporogenes</b> 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.</p>	Assente	0.0000
<p><b>Collinsella aerofaciens</b> 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.</p>	Presente	2.9155
<p><b>Desulfovibrio spp.</b> 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.</p>	Assente	0.0000
<p><b>Enterococcus faecalis</b> Aumentato nell'insufficienza cardiaca (IC) e associato al carcinoma coloretale. Produce superossidi che danneggiano il DNA, favorendo instabilità genomica e carcinogenesi.</p>	Assente	0.0000
<p><b>Enterococcus faecium</b> 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.</p>	Presente	0.0055
<p><b>Fusobacterium nucleatum</b> 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.</p>	Assente	0.0000
<p><b>Prevotella copri</b> 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.</p>	Assente	0.0000
<p><b>Ruminococcus gnavus</b> 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.</p>	Assente	0.0000
<p><b>Streptococcus anginosus</b> 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.</p>	Assente	0.0000
<p><b>Streptococcus gallolyticus (bovis)</b> 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.</p>	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.



Per affrontare la disbiosi osservata, i probiotici *Enterococcus faecium* e *Bifidobacterium longum* emergono come i più efficaci. Entrambi mostrano effetti positivi significativi su diverse specie carenti, come *Anaerobutyricum hallii* e *Blautia luti*, con correlazioni rispettivamente di +0.73 e +0.61 per *Enterococcus faecium*, e +0.62 e +0.61 per *Bifidobacterium longum*. Tuttavia, è necessario esercitare cautela poiché questi probiotici mostrano anche correlazioni positive con specie in eccesso come *Flavonifractor plautii* e *Gordonibacter pamelaee*. Un approccio bilanciato potrebbe includere l'uso di *Streptococcus thermophilus*, che presenta un'interazione negativa con *Culoivirus americanus* (-0.16) e potrebbe aiutare a ridurre le specie in eccesso. È importante monitorare attentamente la risposta del paziente per evitare potenziali conflitti tra l'aumento delle specie carenti e il controllo di quelle in eccesso.

! 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 indica un profilo di disbiosi marcata, guidato principalmente da squilibri metabolici e infiammatori. L'asse 'Metabolic' presenta un punteggio massimo di squilibrio (100%), suggerendo un significativo stress metabolico, potenzialmente associato all'alterata produzione di SCFA, come evidenziato dai livelli fuori range di butirrato, acetato e propionato. Similmente, l'asse 'Inflammatory' mostra un punteggio elevato (99%), che potrebbe essere correlato con l'aumento dei livelli di lipopolisaccaridi (LPS) e istamina, entrambi marcatori di potenziale attività pro-infiammatoria. Nonostante l'equilibrio ottimale dell'asse 'Diversity' (24.4%), l'abbondanza di taxa patogeni, tra cui *Campylobacter jejuni* e *Clostridioides difficile*, e un elevato rapporto patobionti/simbionti indicano una compromissione della stabilità microbica. L'asse 'Neuroactive' segnala anch'esso uno squilibrio marcato (97.3%), che potrebbe riflettere alterazioni nella produzione di metaboliti neuroattivi come il GABA, sebbene il suo livello sia in range. La presenza di *Akkermansia muciniphila* e *Faecalibacterium prausnitzii*, noti per i loro effetti benefici, è un punto positivo, ma è controbilanciata dalla presenza di potenziali patogeni e da indici alterati, come l'abnorme abbondanza di *Pseudomonadota* e il rapporto aerobico/anaerobico fuori range. L'asse 'General Balance' presenta uno squilibrio leggero (94.1%), suggerendo che, sebbene ci sia un certo grado di compensazione funzionale, il profilo complessivo rimane problematico. Le implicazioni funzionali di questo profilo microbico potrebbero includere un aumentato rischio di condizioni metaboliche e infiammatorie, con potenziali ripercussioni sulla salute mentale e sistemica dell'ospite. Questi pattern sono consistenti con una disbiosi che richiede ulteriori indagini per identificare interventi mirati.

**GT Microbiome-X® advanced** report v2.0

**TAVOLA TASSONOMICA**

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes putredinis	23.8197	-	□
Pseudomonadota	Duodenibacillus	Duodenibacillus massiliensis	22.5124	0.0000 - 0.6633	↑
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium prausnitzii	9.7541	0.0598 - 5.5107	↑
Bacillota	Acidaminococcus	Acidaminococcus intestini	3.8133	0.0000 - 0.5019	↑
Actinomycetota	Collinsella	Collinsella aerofaciens	2.9155	0.0004 - 1.4626	↑
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium longum	2.8473	0.0012 - 0.9456	↑
Bacillota	Flavonifractor	Flavonifractor plautii	2.7250	0.0124 - 0.6545	↑
Bacillota	Lawsonibacter	Lawsonibacter asaccharolyticus	2.1225	0.0025 - 0.7584	↑
Bacillota	Coprococcus	Coprococcus sp. ART55/1	1.9656	0.0024 - 6.8428	✓
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes ihumii	1.9139	0.0000 - 0.5660	↑
Bacillota	Coprococcus	Coprococcus comes	1.5505	0.0127 - 1.8347	✓
Bacillota	Vescimonas	Vescimonas coprocola	1.2753	0.0039 - 1.2006	↑
Bacillota	Dorea	Dorea formicigenerans	1.2733	0.0039 - 0.7057	↑
Verrucomicrobiota	Akkermansia	Akkermansia muciniphila	1.1424	0.0003 - 7.3057	✓
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium adolescentis	1.0728	0.0001 - 0.5132	↑
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes onderdonkii	0.9971	0.0022 - 5.0405	✓
Actinomycetota	Gordonibacter	Gordonibacter urolithinfaciens	0.9449	0.0000 - 0.0245	↑
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides stercoris	0.9083	0.0037 - 9.5146	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides caccae	0.8397	0.0038 - 5.0117	✓
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes communis	0.8392	0.0011 - 1.8045	✓
Bacillota	Ruthenibacterium	Ruthenibacterium lactatiformans	0.7820	0.0060 - 0.8666	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacillota	Mediterraneibacter	Mediterraneibacter gnavus	0.7755	0.0099 - 0.5027	↑
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. IP-1-18	0.6677	0.0013 - 0.1043	↑
Bacteroidota	Phocaeicola	Phocaeicola vulgatus	0.6156	0.0554 - 28.7391	✓
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes shahii	0.6091	0.0012 - 2.4946	✓
Uroviricota	Kingevirus	Kingevirus communis	0.5404	0.0000 - 1.0525	✓
Bacillota	Agathobacter	Agathobacter rectalis	0.5289	0.0438 - 16.0757	✓
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. I4-1-79	0.5279	0.0027 - 0.4393	↑
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides uniformis	0.4827	0.0180 - 17.1567	✓
Bacillota	Ruminococcus	Ruminococcus bicirculans (ex Wegman et al. 2014)	0.4697	0.0009 - 5.7100	✓
Bacteroidota	Barnesiella	Barnesiella intestinihominis	0.4111	-	□
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes senegalensis	0.3830	0.0001 - 0.3698	↑
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. I3-3-33	0.3755	0.0021 - 0.1790	↑
Bacillota	Holdemania	Holdemania massiliensis	0.2842	-	□
Bacillota	Simiaoa	Simiaoa sunii	0.2797	0.0070 - 8.3300	✓
Bacillota	Pusillibacter	Pusillibacter faecalis	0.2737	0.0027 - 0.2391	↑
Thermodesulfobact eriotia	Bilophila	Bilophila wadsworthia	0.2632	-	□
Bacteroidota	Odoribacter	Odoribacter splanchnicus	0.2607	0.0023 - 2.4989	✓
Bacillota	Blautia	Blautia hydrogenotrophica	0.2391	0.0006 - 0.1281	↑
Bacillota	Dorea	Dorea longicatena	0.2281	0.0209 - 2.2576	✓
Bacteroidota	Parabacteroides	Parabacteroides merdae	0.2256	0.0026 - 5.8823	✓
Bacteroidota	Parabacteroides	Parabacteroides distasonis	0.2055	0.0300 - 4.0495	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides faecis	0.1975	0.0031 - 3.8390	✓
Bacillota	Blautia	Blautia obeum	0.1870	0.0269 - 1.4772	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides salyersiae	0.1709	0.0015 - 2.5685	✓
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes finegoldii	0.1689	0.0019 - 1.5870	✓
Bacillota	Coprococcus	Coprococcus eutactus	0.1674	0.0025 - 0.8525	✓
Actinomycetota	Collinsella	Collinsella sp. i05-0019-G5	0.1649	-	□
Bacillota	Clostridium	Clostridium sp. M62/1	0.1489	0.0063 - 0.4656	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides fragilis	0.1474	0.0161 - 3.3296	✓
Bacillota	Intestinimonas	Intestinimonas butyriciproducens	0.1464	0.0028 - 0.3910	✓
Bacillota	Coprococcus	Coprococcus catus	0.1298	0.0059 - 0.5188	✓
Bacillota	Roseburia	Roseburia intestinalis	0.1263	0.0354 - 5.6088	✓
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium taiwanense	0.1143	0.0076 - 0.4767	✓
Pseudomonadota	Oxalobacter	Oxalobacter aliiformigenes	0.1128	0.0000 - 0.1538	✓
Actinomycetota	Gordonibacter	Gordonibacter pamelaeeae	0.1103	0.0000 - 0.0292	↑
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium duncaniae	0.1068	0.0061 - 0.3921	✓
Actinomycetota	Adlercreutzia	Adlercreutzia hattorii	0.1063	0.0000 - 0.1395	✓
Bacillota	Vescimonas	Vescimonas fastidiosa	0.1033	0.0014 - 0.7543	✓
Bacillota	Faecalibacillus	Faecalibacillus intestinalis	0.0978	0.0008 - 1.1671	✓
Bacteroidota	Paraprevotella	Paraprevotella clara	0.0872	0.0002 - 2.7245	✓
Bacillota	Dysosmobacter	Dysosmobacter welbionis	0.0852	0.0039 - 0.2769	✓
Bacteroidota	Parabacteroides	Parabacteroides absconsus	0.0847	-	□
Bacillota	Oscillibacter	Oscillibacter sp. PEA192	0.0842	0.0037 - 0.1782	✓
Bacillota	Solibaculum	Solibaculum mannosilyticum	0.0787	0.0003 - 0.0409	↑
Bacillota	Mediterraneibacter	[Ruminococcus] lactaris	0.0747	0.0039 - 1.3495	✓
Pseudomonadota	Sutterella	Sutterella wadsworthensis	0.0707	0.0000 - 1.9089	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium hominis (ex Afrizal et al. 2022)	0.0647	-	□
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. I4-3-84	0.0637	0.0042 - 0.2949	✓
Bacillota	Lachnospira	Lachnospira eligens	0.0617	0.0055 - 5.7886	✓
Bacillota	Anaerostipes	Anaerostipes hadrus	0.0612	0.0140 - 4.0383	✓
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. i25-0019-C1	0.0597	-	□
Pseudomonadota	Haemophilus	Haemophilus parainfluenzae	0.0571	0.0001 - 0.6474	✓
Actinomycetota	Schaalia	Schaalia odontolytica	0.0566	0.0000 - 0.0238	↑
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. IP-3-29	0.0561	0.0032 - 0.1746	✓
Bacillota	Oscillibacter	Oscillibacter hominis	0.0556	0.0031 - 0.2985	✓
Bacillota	Blautia	Blautia wexlerae	0.0556	0.0760 - 4.0742	↓
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium catenulatum	0.0516	0.0002 - 0.0898	✓
Bacillota	Subdoligranulum	Subdoligranulum variabile	0.0486	0.0016 - 0.1440	✓
Bacillota	Eubacterium	Eubacterium ramulus	0.0446	-	□
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. I2-3-92	0.0406	0.0011 - 0.1501	✓
Bacillota	Acidaminococcus	Acidaminococcus timonensis	0.0391	-	□
Bacteroidota	Butyricimonas	Butyricimonas virosa	0.0391	0.0001 - 0.8282	✓
Bacillota	Subdoligranulum	uncultured Subdoligranulum sp.	0.0376	0.0003 - 0.1013	✓
Uroviricota	Aurodevirus	Aurodevirus hiberniae	0.0366	0.0000 - 0.0761	✓
Bacillota	Enterocloster	Enterocloster asparagiformis	0.0346	0.0034 - 0.2010	✓
Actinomycetota	Eggerthella	Eggerthella lenta	0.0341	0.0001 - 0.0809	✓
Actinomycetota	Schaalia	Schaalia sp. HMT-172	0.0331	0.0000 - 0.0068	↑
Actinomycetota	Adlercreutzia	Adlercreutzia equolifaciens	0.0326	0.0000 - 0.1532	✓
Bacillota	Anaerotruncus	Anaerotruncus colihominis	0.0296	0.0046 - 0.2142	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacteroidota	Phocaeicola	Phocaeicola dorei	0.0296	0.0187 - 21.9860	✓
Bacillota	Roseburia	Roseburia hominis	0.0281	0.0255 - 1.7926	✓
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. I3-3-89	0.0261	0.0026 - 0.8499	✓
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. 7	0.0256	-	□
Bacteroidota	Alistipes	uncultured Alistipes sp.	0.0256	0.0003 - 0.5480	✓
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. i21-0019-B1	0.0246	-	□
Bacillota	Pseudoflavonifractor	Pseudoflavonifractor gallinarum	0.0246	-	□
Bacillota	Clostridioides	Clostridioides difficile	0.0246	0.0065 - 0.2388	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides thetaiotaomicron	0.0246	0.0918 - 6.9446	↓
Bacillota	Owariibacterium	Owariibacterium komagatae	0.0236	-	□
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes sp. i18-0019-D1	0.0236	-	□
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides ovatus	0.0231	0.0061 - 2.2309	✓
Bacillota	Faecalibacterium	Faecalibacterium wellingii	0.0221	-	□
Bacteroidota	Parabacteroides	Parabacteroides goldsteinii	0.0221	0.0005 - 0.7708	✓
Bacteroidota	Coprobacter	Coprobacter fastidiosus	0.0216	0.0000 - 1.0168	✓
Bacillota	Anaerobutyricum	Anaerobutyricum hallii	0.0201	0.0248 - 2.8146	↓
Bacillota	Ruminococcus	Ruminococcus callidus	0.0196	-	□
Uroviricota	Brigitvirus	Brigitvirus brigitt	0.0196	0.0000 - 0.0379	✓
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium pseudocatenulatum	0.0180	0.0000 - 0.3042	✓
Bacteroidota	Paraprevotella	Paraprevotella xylaniphila	0.0180	0.0001 - 0.5881	✓
Bacillota	Flintibacter	Flintibacter sp. KGMB00164	0.0175	0.0008 - 0.0564	✓
Bacillota	Wansuia	Wansuia hejianensis	0.0175	0.0011 - 0.0461	✓
Bacillota	Eubacterium	Eubacterium ventriosum	0.0170	0.0029 - 0.8717	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium breve	0.0170	0.0001 - 0.0100	↑
Bacillota	Mediterraneibacter	[Ruminococcus] torques	0.0145	0.0416 - 2.3915	↓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides eggerthii	0.0140	0.0020 - 7.9557	✓
Bacillota	Blautia	Blautia luti	0.0130	0.0141 - 0.3592	↓
Bacillota	Acidaminococcus	Acidaminococcus fermentans	0.0130	0.0000 - 0.1698	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus parasanguinis	0.0130	0.0002 - 0.1193	✓
Bacillota	Lachnoclostridium	[Clostridium] scindens	0.0125	0.0071 - 0.2308	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides hominis	0.0125	-	□
Uroviricota	Culoivirus	Culoivirus americanus	0.0125	0.0000 - 0.0062	↑
Bacillota	Christensenella	Christensenella minuta	0.0120	0.0002 - 0.0442	✓
Bacillota	Enterocloster	Enterocloster bolteae	0.0115	0.0028 - 0.4332	✓
Bacillota	Roseburia	Roseburia faecis	0.0105	-	□
Bacillota	Enterococcus	Enterococcus saigonensis	0.0105	0.0000 - 0.0007	↑
Actinomycetota	Actinomyces	Actinomyces pacaensis	0.0105	0.0000 - 0.0032	↑
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes megaguti	0.0100	0.0000 - 0.1899	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides intestinalis	0.0100	0.0001 - 3.4192	✓
Bacillota	Eisenbergiella	Eisenbergiella porci	0.0095	-	□
Bacillota	Veillonella	Veillonella rogosae	0.0095	0.0001 - 0.0774	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus salivarius	0.0095	0.0006 - 0.1783	✓
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium pullorum	0.0085	0.0000 - 0.0005	↑
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides sp. CACC 737	0.0085	0.0002 - 0.1416	✓
Bacteroidota	Segatella	Segatella copri	0.0085	0.0017 - 59.5198	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides xylanisolvens	0.0080	0.0230 - 2.7147	↓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacteroidota	Phocaeicola	Phocaeicola coprophilus	0.0080	0.0005 - 3.4345	✓
Uroviricota	Culoivirus	Culoivirus intestinalis	0.0080	0.0000 - 0.0046	↑
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides zhangwenhongii	0.0075	0.0006 - 0.1071	✓
Bacillota	Ruminococcus	Ruminococcus champanellensis	0.0070	0.0001 - 0.4736	✓
Bacillota	Clostridium	[Clostridium] innocuum	0.0070	-	□
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes indistinctus	0.0070	0.0000 - 0.3363	✓
Pseudomonadota	Comamonas	Comamonas kerstersii	0.0070	0.0000 - 0.0004	↑
Bacillota	Enterocloster	Enterocloster clostridioformis	0.0065	0.0008 - 0.0961	✓
Bacillota	Sellimonas	Sellimonas catena	0.0065	-	□
Bacteroidota	Muribaculum	Muribaculum intestinale	0.0065	0.0000 - 0.0088	✓
Uroviricota	Culoivirus	Culoivirus faecalis	0.0065	0.0000 - 0.0041	↑
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes dispar	0.0060	0.0002 - 0.3667	✓
Bacteroidota	Butyricimonas	Butyricimonas faecihominis	0.0060	0.0000 - 0.4975	✓
Campylobacterota	Campylobacter	Campylobacter jejuni	0.0060	0.0000 - 0.0088	✓
Bacillota	Enterococcus	Enterococcus faecium	0.0055	0.0005 - 0.0584	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides cellulosilyticus	0.0055	0.0009 - 11.2459	✓
Bacillota	Blautia	Blautia producta	0.0050	0.0003 - 0.0368	✓
Bacillota	Lachnoclostridium	[Clostridium] hylemonae	0.0050	0.0006 - 0.0422	✓
Actinomycetota	Enorma	Enorma phocaeensis	0.0050	0.0000 - 0.0023	↑
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides sp. A1C1	0.0050	0.0006 - 0.1645	✓
Bacillota	Enterocloster	Enterocloster lavalensis	0.0045	-	□
Bacillota	Eshraghiella	Eshraghiella crossota	0.0045	-	□
Bacillota	Thomasclavelia	Thomasclavelia ramosa	0.0045	0.0015 - 0.0633	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacteroidota	Barnesiella	Barnesiella viscericola	0.0045	0.0001 - 0.1200	✓
Bacillota	Blautia	Blautia sp. SC05B48	0.0040	0.0065 - 0.1438	↓
Bacillota	Granulicatella	Granulicatella adiacens	0.0040	0.0000 - 0.0130	✓
Actinomycetota	Collinsella	Collinsella stercoris	0.0040	0.0000 - 0.0018	↑
Bacteroidota	Phocaeicola	Phocaeicola salanitronis	0.0040	0.0006 - 0.4268	✓
Pseudomonadota	Sphingomonas	Sphingomonas melonis	0.0040	-	□
Bacillota	Butyricoccus	Butyricoccus porcorum	0.0035	-	□
Bacillota	Intestinibacillus	Intestinibacillus sp. NTUH-41-i26	0.0035	0.0006 - 0.0392	✓
Actinomycetota	Olsenella	Olsenella timonensis	0.0035	0.0000 - 0.0091	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides caecimuris	0.0035	0.0008 - 0.0909	✓
Pseudomonadota	Sphingomonas	Sphingomonas paucimobilis	0.0035	0.0000 - 0.0000	↑
Pseudomonadota	Bosea	Bosea beijingensis	0.0035	0.0000 - 0.0001	↑
Bacillota	Roseburia	Roseburia sp. 831b	0.0030	0.0009 - 0.0626	✓
Bacillota	Qiania	Qiania dongpingensis	0.0030	0.0002 - 0.0205	✓
Bacillota	Veillonella	Veillonella parvula	0.0030	0.0003 - 0.6111	✓
Bacillota	Megasphaera	Megasphaera sp.	0.0030	-	□
Bacillota	Thomasclavelia	Thomasclavelia spiroformis	0.0030	0.0000 - 0.1073	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. CP1998	0.0030	0.0000 - 0.0042	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus cristatus	0.0030	0.0000 - 0.0050	✓
Bacteroidota	Barnesiella	Barnesiella sp. An22	0.0030	0.0003 - 0.4290	✓
Bacteroidota	Butyricimonas	Butyricimonas paravirosa	0.0030	0.0001 - 0.4123	✓
Bacillota	Claveliimonas	Claveliimonas bilis	0.0025	0.0005 - 0.0377	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus lingualis	0.0025	-	□

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides humanifaecis	0.0025	0.0003 - 0.1328	✓
Pseudomonadota	Achromobacter	Achromobacter xylosoxidans	0.0025	0.0000 - 0.0001	↑
Bacillota	Ruminococcus	Ruminococcus albus	0.0020	0.0000 - 0.0105	✓
Bacillota	Agathobaculum	Agathobaculum massiliense	0.0020	-	□
Bacillota	Hungatella	Hungatella hathewayi	0.0020	0.0037 - 0.1743	↓
Bacillota	Hungatella	Hungatella sp. SB206	0.0020	-	□
Bacillota	Wujia	Wujia chipingensis	0.0020	0.0014 - 6.6971	✓
Bacillota	Dialister	Dialister hominis	0.0020	0.0000 - 0.1393	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. oral taxon 061	0.0020	0.0000 - 0.0021	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus mitis	0.0020	0.0000 - 0.0108	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus dentalis	0.0020	-	□
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus thermophilus	0.0020	0.0002 - 0.1074	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus pneumoniae	0.0020	0.0001 - 0.0337	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus australis	0.0020	0.0000 - 0.0079	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides sp. KFT8	0.0020	-	□
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides nordii	0.0020	0.0002 - 0.4095	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides faecium	0.0020	0.0001 - 0.0740	✓
Pseudomonadota	Sphingomonas	Sphingomonas hankookensis	0.0020	0.0000 - 0.0000	↑
Pseudomonadota	Komagataeibacter	Komagataeibacter oboediens	0.0020	0.0000 - 0.0056	✓
Uroviricota	Canhaevirus	Canhaevirus faecalis	0.0020	0.0000 - 0.0088	✓
Bacillota	Caproicibacterium	Caproicibacterium lactatifermentans	0.0015	0.0000 - 0.0013	↑
Bacillota	Lactonifactor	Lactonifactor longoviformis	0.0015	-	□
Bacillota	Mediterraneibacter	Mediterraneibacter glycyrrhizinilyticus	0.0015	-	□

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacillota	Sellimonas	Sellimonas intestinalis	0.0015	0.0003 - 0.0839	✓
Bacillota	Chordicoccus	Chordicoccus furentiruminis	0.0015	0.0001 - 0.0115	✓
Bacillota	Amedibacillus	[Eubacterium] hominis	0.0015	-	□
Bacillota	Thomasclavelia	Erysipelatoclostridium sp. An173	0.0015	0.0000 - 0.0089	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus lactarius	0.0015	0.0000 - 0.0044	✓
Bacillota	Leuconostoc	Leuconostoc lactis	0.0015	0.0000 - 0.0002	↑
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium thermophilum	0.0015	0.0000 - 0.0005	↑
Actinomycetota	Actinomyces	Actinomyces oris	0.0015	0.0000 - 0.0047	✓
Actinomycetota	Thermophilibacter	Thermophilibacter mediterraneus	0.0015	0.0000 - 0.0020	✓
Actinomycetota	Parolsenella	Parolsenella catena	0.0015	0.0000 - 0.0278	✓
Actinomycetota	Eggerthella	Eggerthella guodeyini	0.0015	0.0000 - 0.0011	↑
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides maternus	0.0015	-	□
Bacteroidota	Butyricimonas	Butyricimonas faecalis	0.0015	0.0002 - 0.5907	✓
Candidatus Saccharimonadota	Candidatus Nanosynbacter	Candidatus Nanosynbacter sp. HMT-352	0.0015	0.0000 - 0.0084	✓
Uroviricota	Mahlunavirus	Mahlunavirus rarus	0.0015	0.0000 - 0.0026	✓
Uroviricota	Lughvirus	Lughvirus lugh	0.0015	0.0000 - 0.0023	✓
Bacillota	Clostridium	Clostridium sp. MD294	0.0010	0.0000 - 0.0023	✓
Bacillota	Acutalibacter	Acutalibacter muris	0.0010	0.0000 - 0.0123	✓
Bacillota	Aristaeella	Aristaeella hokkaidonensis	0.0010	0.0000 - 0.0044	✓
Bacillota	Blautia	Blautia hanseni	0.0010	0.0006 - 0.0254	✓
Bacillota	Blautia	Blautia pseudococcoides	0.0010	0.0003 - 0.0095	✓
Bacillota	Blautia	Blautia parvula	0.0010	0.0001 - 0.0214	✓
Bacillota	Hominifimeneus	Hominifimeneus sp. rT4P-3	0.0010	-	□

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacillota	Pseudobutyrvibrio	Pseudobutyrvibrio xylanivorans	0.0010	0.0000 - 0.0045	✓
Bacillota	Otoolea	[Clostridium] symbiosum	0.0010	0.0006 - 0.1091	✓
Bacillota	Emergencia	Emergencia sp. JLR.KK010	0.0010	0.0000 - 0.0080	✓
Bacillota	Anoxybacterium	Anoxybacterium hadale	0.0010	-	□
Bacillota	Veillonella	Veillonella orientalis	0.0010	-	□
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. KHUD_011	0.0010	-	□
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus oralis	0.0010	0.0000 - 0.0259	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus korensis	0.0010	0.0000 - 0.0017	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus agalactiae	0.0010	0.0000 - 0.0036	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus gordonii	0.0010	0.0000 - 0.0566	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus equinus	0.0010	0.0000 - 0.0011	✓
Bacillota	Latilactobacillus	Latilactobacillus curvatus	0.0010	0.0000 - 0.0017	✓
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium angulatum	0.0010	0.0000 - 0.0095	✓
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium dentium	0.0010	0.0000 - 0.0230	✓
Actinomycetota	Schaalia	Schaalia meyeri	0.0010	0.0000 - 0.0003	↑
Actinomycetota	Pauljensenia	Pauljensenia hongkongensis	0.0010	0.0000 - 0.0007	↑
Actinomycetota	Gleimia	Gleimia europaea	0.0010	0.0000 - 0.0001	↑
Actinomycetota	Olsenella	Olsenella uli	0.0010	0.0000 - 0.0016	✓
Actinomycetota	Slackia	Slackia exigua	0.0010	-	□
Actinomycetota	Phoenicibacter	Phoenicibacter congongensis	0.0010	0.0000 - 0.0012	✓
Bacteroidota	Parabacteroides	Parabacteroides sp. CT06	0.0010	0.0000 - 0.0396	✓
Bacteroidota	Muribaculum	Muribaculum gordoncarteri	0.0010	0.0000 - 0.0188	✓
Bacteroidota	Petrimonas	Petrimonas mucosa	0.0010	0.0000 - 0.0098	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Pseudomonadota	Escherichia	Escherichia coli	0.0010	0.0000 - 0.4951	✓
Pseudomonadota	Candidatus Tisiphia	Candidatus Tisiphia endosymbiont of Metellina segmentata	0.0010	0.0000 - 0.0017	✓
Pseudomonadota	Sulfitobacter	Sulfitobacter sp. SK012	0.0010	-	□
Synergistota	Cloacibacillus	Cloacibacillus porcorum	0.0010	0.0000 - 0.0066	✓
Bacillota	Ruminococcus	Ruminococcus bovis	0.0005	0.0000 - 0.1080	✓
Bacillota	Caproicibacterium	Caproicibacterium amylolyticum	0.0005	0.0000 - 0.0017	✓
Bacillota	Ruminiclostridium	Ruminiclostridium papyrosolvens	0.0005	0.0000 - 0.0002	↑
Bacillota	Fastidiosipila	Fastidiosipila sanguinis	0.0005	0.0000 - 0.0025	✓
Bacillota	Clostridium	Clostridium sp. SY8519	0.0005	0.0003 - 0.0571	✓
Bacillota	Clostridium	Clostridium botulinum	0.0005	0.0000 - 0.0012	✓
Bacillota	Clostridium	Clostridium septicum	0.0005	0.0000 - 0.0025	✓
Bacillota	Clostridium	Clostridium perfringens	0.0005	0.0008 - 0.0454	↓
Bacillota	Hathewayia	Hathewayia histolytica	0.0005	0.0000 - 0.0003	↑
Bacillota	Proteiniborus	Proteiniborus sp. MB09-C3	0.0005	0.0000 - 0.0005	✓
Bacillota	Eubacterium	Eubacterium limosum	0.0005	0.0000 - 0.0073	✓
Bacillota	Eubacterium	Eubacterium callanderi	0.0005	0.0010 - 0.0960	↓
Bacillota	Eubacterium	Eubacterium maltosivorans	0.0005	0.0000 - 0.0174	✓
Bacillota	Eubacterium	Eubacterium sp. MSJ-33	0.0005	0.0003 - 0.3461	✓
Bacillota	Eubacterium	Eubacterium sp. F2	0.0005	-	□
Bacillota	Pseudoramibacter	Pseudoramibacter alactolyticus	0.0005	-	□
Bacillota	Agathobaculum	Agathobaculum sp. NTUH-O15-33	0.0005	0.0000 - 0.0144	✓
Bacillota	Caproiciproducens	Caproiciproducens sp. CPB-2	0.0005	0.0000 - 0.0021	✓
Bacillota	Aristaeella	Aristaeella lactis	0.0005	0.0000 - 0.0030	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacillota	Desulfofundulus	Desulfofundulus kuznetsovii	0.0005	0.0000 - 0.0002	↑
Bacillota	Blautia	Blautia liquoris	0.0005	0.0001 - 0.0116	✓
Bacillota	Roseburia	Roseburia sp. 499	0.0005	0.0009 - 0.0524	↓
Bacillota	Roseburia	Roseburia rectibacter	0.0005	0.0029 - 0.1856	↓
Bacillota	Lachnoclostridium	Lachnoclostridium phytofermentans	0.0005	0.0000 - 0.0014	✓
Bacillota	Sellimonas	Sellimonas caecigallum	0.0005	-	□
Bacillota	Butyrivibrio	Butyrivibrio proteoclasticus	0.0005	0.0000 - 0.0031	✓
Bacillota	Herbinix	Herbinix luporum	0.0005	0.0000 - 0.0007	✓
Bacillota	Marvinbryantia	Marvinbryantia formatexigens	0.0005	0.0005 - 0.0221	✓
Bacillota	Lacrimispora	Lacrimispora xylyanolytica	0.0005	0.0000 - 0.0018	✓
Bacillota	Lachnoanaerobaculum	Lachnoanaerobaculum gingivalis	0.0005	0.0004 - 0.0083	✓
Bacillota	Kineothrix	Kineothrix sp. MB12-C1	0.0005	0.0000 - 0.0028	✓
Bacillota	Faecalimonas	Faecalimonas umbilicata	0.0005	-	□
Bacillota	Emergencia	Emergencia timonensis	0.0005	0.0003 - 0.0540	✓
Bacillota	Aminipila	Aminipila luticellarii	0.0005	0.0000 - 0.0098	✓
Bacillota	Christensenella	Christensenella massiliensis	0.0005	0.0000 - 0.0390	✓
Bacillota	Monoglobus	Monoglobus pectinilyticus	0.0005	0.0000 - 0.0786	✓
Bacillota	Veillonella	Veillonella atypica	0.0005	0.0001 - 0.0676	✓
Bacillota	Veillonella	Veillonella dispar	0.0005	0.0000 - 0.0224	✓
Bacillota	Selenomonas	Selenomonas ruminantium	0.0005	0.0000 - 0.0066	✓
Bacillota	Selenomonas	Selenomonas diana	0.0005	0.0000 - 0.0006	✓
Bacillota	Selenomonas	Selenomonas sp. oral taxon 136	0.0005	0.0000 - 0.0005	✓
Bacillota	Solobacterium	Solobacterium moorei	0.0005	0.0001 - 0.0068	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacillota	Longicatena	Longicatena caecimuris	0.0005	0.0005 - 0.0371	✓
Bacillota	Amedibacterium	Amedibacterium intestinale	0.0005	0.0003 - 0.0292	✓
Bacillota	Catenibacterium	Catenibacterium mitsuokai	0.0005	0.0003 - 0.6074	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. 1643	0.0005	0.0000 - 0.0004	↑
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. FSL K6-1323	0.0005	0.0000 - 0.0073	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. 11-4097	0.0005	-	□
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. Marseille-Q3533	0.0005	0.0000 - 0.0028	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. LPB0220	0.0005	0.0000 - 0.0114	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. KHUD_015	0.0005	-	□
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. A12	0.0005	0.0000 - 0.0055	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sp. HSISS2	0.0005	0.0000 - 0.0019	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus intermedius	0.0005	0.0000 - 0.0047	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus ilei	0.0005	0.0000 - 0.0035	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus parasuis	0.0005	0.0000 - 0.0034	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus sanguinis	0.0005	0.0000 - 0.0381	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus suis	0.0005	0.0004 - 0.0563	✓
Bacillota	Streptococcus	Streptococcus pasteurianus	0.0005	0.0001 - 0.0059	✓
Bacillota	Dellaglioia	Dellaglioia kimchii	0.0005	-	□
Bacillota	Paenibacillus	Paenibacillus polymyxa	0.0005	0.0000 - 0.0002	↑
Bacillota	Paenibacillus	Paenibacillus sp. 481	0.0005	0.0000 - 0.0001	↑
Bacillota	Brevibacillus	Brevibacillus agri	0.0005	-	□
Bacillota	Bacillus	Bacillus sp. SCS-153A	0.0005	-	□
Bacillota	Planococcus	Planococcus sp. X10-3	0.0005	-	□

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacillota	Planococcus	Planococcus plakortidis	0.0005	-	☐
Bacillota	Gemella	Gemella morbillorum	0.0005	0.0000 - 0.0025	✓
Bacillota	Gemella	Gemella sanguinis	0.0005	0.0000 - 0.0056	✓
Bacillota	Staphylococcus	Staphylococcus carnosus	0.0005	0.0000 - 0.0001	↑
Bacillota	Parvimonas	Parvimonas micra	0.0005	0.0001 - 0.0150	✓
Bacillota	Fingoldia	Fingoldia magna	0.0005	0.0000 - 0.0017	✓
Bacillota	Murdochiella	Murdochiella vaginalis	0.0005	0.0000 - 0.0018	✓
Bacillota	Gudongella	Gudongella oleilytica	0.0005	0.0000 - 0.0001	↑
Bacillota	Carboxydichorda	Carboxydichorda subterranea	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Bifidobacterium	Bifidobacterium bifidum	0.0005	0.0000 - 0.0346	✓
Actinomycetota	Gardnerella	Gardnerella sp. DNF00257	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Schaalia	Schaalia cardiffensis	0.0005	0.0000 - 0.0002	↑
Actinomycetota	Agrococcus	Agrococcus carbonis	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Rothia	Rothia mucilaginoso	0.0005	0.0000 - 0.0264	✓
Actinomycetota	Brevibacterium	Brevibacterium sp. GP-SGM9	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Janibacter	Janibacter indicus	0.0005	0.0000 - 0.0000	↑
Actinomycetota	Sanguibacter	Sanguibacter keddieii	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Streptomyces	Streptomyces sp. NBC_00212	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Streptomyces	Streptomyces sp. BBFR2	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Streptomyces	Streptomyces spectabilis	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Streptomyces	Streptomyces virginiae	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Kitasatospora	Kitasatospora sp. NBC_01246	0.0005	-	☐
Actinomycetota	Corynebacterium	Corynebacterium canis	0.0005	-	☐

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Actinomycetota	Mycobacteroides	Mycobacteroides abscessus	0.0005	-	□
Actinomycetota	Dactylosporangium	Dactylosporangium sp. McL0621	0.0005	-	□
Actinomycetota	Kribbella	Kribbella qitaiheensis	0.0005	-	□
Actinomycetota	Amycolatopsis	Amycolatopsis nalaikhensis	0.0005	-	□
Actinomycetota	Coriobacterium	Coriobacterium glomerans	0.0005	0.0000 - 0.0003	↑
Actinomycetota	Thermophilibacter	Thermophilibacter immobilis	0.0005	0.0000 - 0.0009	✓
Actinomycetota	Fannyhessea	Fannyhessea vaginae	0.0005	0.0000 - 0.0018	✓
Actinomycetota	Lancefieldella	Lancefieldella parvula	0.0005	0.0000 - 0.0024	✓
Actinomycetota	Leptogranulimonas	Leptogranulimonas caecicola	0.0005	0.0000 - 0.0005	✓
Actinomycetota	Slackia	Slackia heliotrinireducens	0.0005	0.0000 - 0.0011	✓
Actinomycetota	Denitrobacterium	Denitrobacterium detoxificans	0.0005	0.0000 - 0.0008	✓
Actinomycetota	Baekduia	Baekduia soli	0.0005	-	□
Cyanobacteriota	Synechococcus	Synechococcus sp. CBW1107	0.0005	-	□
Cyanobacteriota	Synechococcus	Synechococcus sp. PROS-7-1	0.0005	-	□
Mycoplasmata	Mycoplasma	Candidatus Mycoplasma mahonii	0.0005	0.0000 - 0.0001	↑
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides difficilis	0.0005	-	□
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides heparinolyticus	0.0005	0.0001 - 0.0072	✓
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides pyogenes	0.0005	-	□
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides helcogenes	0.0005	0.0000 - 0.0123	✓
Bacteroidota	Parabacteroides	Parabacteroides johnsonii	0.0005	0.0004 - 1.1964	✓
Bacteroidota	Tannerella	Tannerella serpentiformis	0.0005	0.0000 - 0.0017	✓
Bacteroidota	Gaoshiqia	Gaoshiqia hydrogeniformans	0.0005	-	□
Bacteroidota	Riemerella	Riemerella anatipestifer	0.0005	0.0000 - 0.0002	↑

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Rhodothermota	Rhodothermus	Rhodothermus marinus	0.0005	0.0000 - 0.0003	↑
Pseudomonadota	Sutterella	Sutterella megalosphaeroides	0.0005	0.0000 - 0.0104	✓
Pseudomonadota	Sutterella	Sutterella faecalis	0.0005	0.0000 - 0.0223	✓
Pseudomonadota	Rhodoferax	Rhodoferax ferrireducens	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Rhodoferax	Rhodoferax sp. AJA081-3	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Polynucleobacter	Polynucleobacter sp. MWH-P3-07-1	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Paraburkholderia	Paraburkholderia acidiphila	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Haemophilus	Haemophilus haemolyticus	0.0005	0.0000 - 0.0025	✓
Pseudomonadota	Haemophilus	Haemophilus influenzae	0.0005	0.0000 - 0.0037	✓
Pseudomonadota	Aggregatibacter	Aggregatibacter sp. Marseille-P9115	0.0005	0.0000 - 0.0003	↑
Pseudomonadota	Brenneria	Brenneria rubrifaciens	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Acinetobacter	Acinetobacter haemolyticus	0.0005	0.0000 - 0.0004	↑
Pseudomonadota	Acinetobacter	Acinetobacter baumannii	0.0005	0.0000 - 0.0002	↑
Pseudomonadota	Microbulbifer	Microbulbifer thermotolerans	0.0005	0.0000 - 0.0000	↑
Pseudomonadota	Legionella	Legionella pneumophila	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Frateuria	Frateuria aurantia	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Thalassotalea	Thalassotalea nanhaiensis	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Sphingomonas	Sphingomonas sp. FARSPH	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Bradyrhizobium	Bradyrhizobium sp. 170	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Bradyrhizobium	Bradyrhizobium sp. BTAi1	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Bradyrhizobium	Bradyrhizobium guangdongense	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Hoeflea	Hoeflea sp.	0.0005	-	□
Pseudomonadota	Azorhizobium	Azorhizobium caulinodans	0.0005	-	□

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Pseudomonadota	Rhodospirillum	Rhodospirillum centenum	0.0005	-	☐
Pseudomonadota	Niveispirillum	Niveispirillum cyanobacteriorum	0.0005	-	☐
Pseudomonadota	Acidithiobacillus	Acidithiobacillus ferruginosus	0.0005	-	☐
Planctomycetota	Gemmata	Gemmata obscuriglobus	0.0005	-	☐
Thermodesulfobact eriota	Maridesulfovibrio	Maridesulfovibrio sp. FT414	0.0005	-	☐
Campylobacterota	Nitratifactor	Nitratifactor salsuginis	0.0005	-	☐
Myxococcota	Chondromyces	Chondromyces crocatus	0.0005	-	☐
Synergistota	Fretibacterium	Fretibacterium fastidiosum	0.0005	0.0000 - 0.0012	✓
Deinococcota	Deinococcus	Deinococcus sp. KNUC1210	0.0005	-	☐
Deinococcota	Deinococcus	Deinococcus radiodurans	0.0005	0.0000 - 0.0001	↑
Thermoproteota	Aeropyrum	Aeropyrum pernix	0.0005	-	☐
Uroviricota	Kahucivirus	Kahucivirus intestinalis	0.0005	0.0000 - 0.0221	✓
Uroviricota	Buorbuivirus	Buorbuivirus hominis	0.0005	0.0000 - 0.0048	✓
Uroviricota	Eponavirus	Eponavirus epona	0.0005	0.0000 - 0.0213	✓
Uroviricota	Toutatisvirus	Toutatisvirus toutatis	0.0005	0.0000 - 0.0059	✓

## GT Microbiome-X® advanced report v2.0

### 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