



biome-x
dna predictive analysis

VG Microbiome-X® advanced

Report microbiota vaginale con ricerca patogeni e MST

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

ID REPORT

627788

Età



Sesso



Analisi

WGS Vaginale

Data Report

2026-03-30

VG Microbiome-X® è il test che valuta lo stato di salute del microbioma vaginale, attraverso un'analisi dell'intero genoma (Whole Genome Sequencing) eseguita in NGS (Next Generation Sequencing). Il test ha la finalità di identificare eventuali alterazioni dell'equilibrio microbico vaginale (disbiosi), associate a possibili conseguenze quali fastidi intimi, bruciore o prurito, odore o perdite anomale, secchezza e maggiore suscettibilità a infezioni ricorrenti (come vaginosi batterica o candidosi). Il test può rilevare, inoltre, la presenza di microrganismi potenzialmente patogeni o opportunisti e di marcatori microbiologici utili all'inquadramento del profilo vaginale. Un microbiota vaginale in eubiosi contribuisce al mantenimento di un pH fisiologico, alla protezione locale, al comfort intimo e al benessere generale.

INDICI DI EQUILIBRIO VAGINALE

Parametro	Risultato		Popolazione
Similarità (bray-curtis)	0.0332	↓	0.3263 ~ 0.7306
L'indice di Similarità misura quanto la composizione microbica del campione sia simile a quella di una popolazione vaginale di riferimento. Valori elevati indicano una maggiore aderenza ai profili considerati fisiologici, suggerendo un assetto più stabile e in linea con l'eubiosi, mentre valori bassi indicano uno scostamento maggiore dalla popolazione di riferimento.			
Diversità (shannon index)	0.6509	–	0.6488 ~ 1.0393
L'indice di Shannon quantifica la diversità del microbioma vaginale, considerando sia il numero di specie presenti sia la loro distribuzione. Nel vaginale, una diversità contenuta è spesso coerente con una dominanza di Lactobacilli, associata a un ambiente più protettivo; una diversità più elevata può riflettere una comunità più mista, talvolta associata a disbiosi, e va interpretata nel contesto del profilo complessivo.			
Lattobacilli totali (%)	90.3063	↑	15.6876 ~ 64.9617
Questo indice rappresenta la percentuale complessiva di Lattobacilli nel campione vaginale. Valori elevati indicano una dominanza lattobacillare, generalmente associata a mantenimento del pH fisiologico e protezione locale; valori ridotti suggeriscono una maggiore presenza relativa di altri microrganismi e possono essere coerenti con un assetto più eterogeneo, da integrare con gli altri marker (BV, Candida, MST) e con eventuali sintomi.			
CST (classi)	CST III - L. iners	–	CST I – L. crispatus CST II – L. gasseri CST III – L. iners CST V – L. jensenii CST IV – anaerobi misti

Questo indice classifica il microbioma vaginale nei principali Community State Types (CST): CST I, II, III e V indicano dominanza di Lactobacillus (con profili generalmente più stabili e protettivi), mentre CST IV rappresenta una comunità mista dominata da anaerobi. CST I e V sono tipicamente associati alla maggiore stabilità, CST III a uno stato intermedio, e CST IV a maggiore variabilità microbica e possibile disbiosi.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1002611107>

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

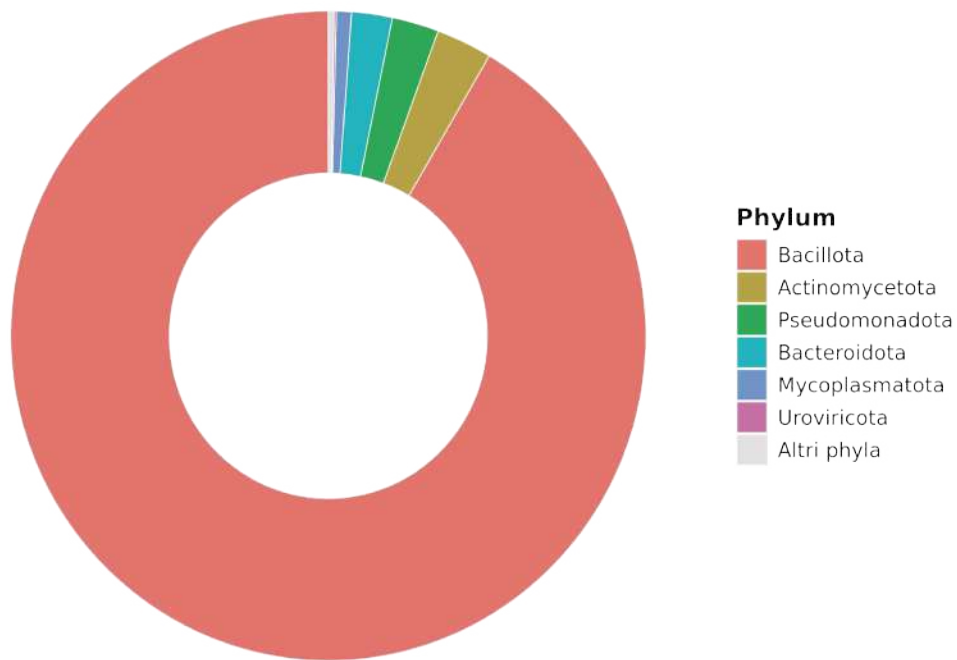
ASSE BV / DISBIOSI ANAEROBICA

Parametro	Risultato		Popolazione
Indice BV (profilo di vaginosi batterica)	0	↓	0.5352 ~ 6.5709
L'Indice BV esprime il peso relativo dei batteri associati a vaginosi batterica rispetto ai Lactobacilli. Valori più elevati indicano una maggiore quota di microrganismi tipici di BV e un profilo potenzialmente più disbiotico; valori più bassi suggeriscono una prevalenza lattobacillare, più compatibile con un assetto vaginale in eubiosi.			
Candida spp. (%)	0	-	0 ~ 0
Questo indice rappresenta la percentuale complessiva di Candida (somma delle principali specie) nel microbioma vaginale. Valori molto bassi o assenti sono compatibili con un quadro fisiologico; valori più elevati indicano una presenza significativa di DNA di Candida, da interpretare in associazione a eventuali sintomi clinici e ad altri riscontri di laboratorio.			
Patogeni MST (%)	0.6435	↑	0 ~ 0.0322
L'indice MST riassume la percentuale totale dei patogeni a trasmissione sessuale inclusi nel pannello (ad es. Chlamydia, Neisseria, Mycoplasma genitalium, Trichomonas). Un valore pari a 0% indica assenza di questi microrganismi nel campione; valori maggiori di 0% segnalano la rilevazione di DNA di uno o più patogeni, da confermare e contestualizzare con indagini specifiche e valutazione clinica.			
Rapporto L. crispatus / G. vaginalis (log10)	0	-	-0.9459 ~ 3.1903
Questo indice esprime, in scala logaritmica (log10), il rapporto tra Lactobacillus crispatus e Gardnerella vaginalis. Valori positivi e più elevati indicano una netta prevalenza di L. crispatus, generalmente compatibile con un profilo vaginale più stabile e protettivo; valori vicini allo zero o negativi suggeriscono una maggiore rilevanza relativa di G. vaginalis e un assetto più orientato verso profili BV-like. https://doi.org/10.1080/21655979.2022.2027059			

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

COMPOSIZIONE DEL MICROBIOMA

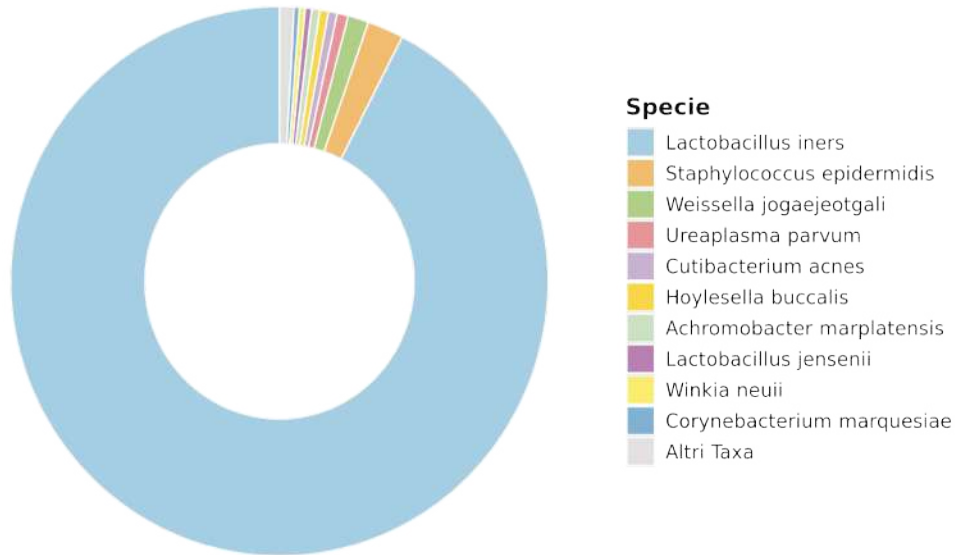
PHYLA



	Phylum	Abbondanza %		Popolazione
■	Bacillota	91.5396	†	2.1965 ~ 78.802
■	Actinomycetota	2.8441	-	0.0822 ~ 4.6346
■	Pseudomonadota	2.3789	†	0 ~ 0.0665
■	Bacteroidota	2.0671	-	0 ~ 2.095
■	Mycoplasmatota	0.7674	†	0 ~ 0.1818
■	Uroviricota	0.1151	-	0 ~ 0.1512
■	Altri phyla	0.2879	o	~

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

SPECIE



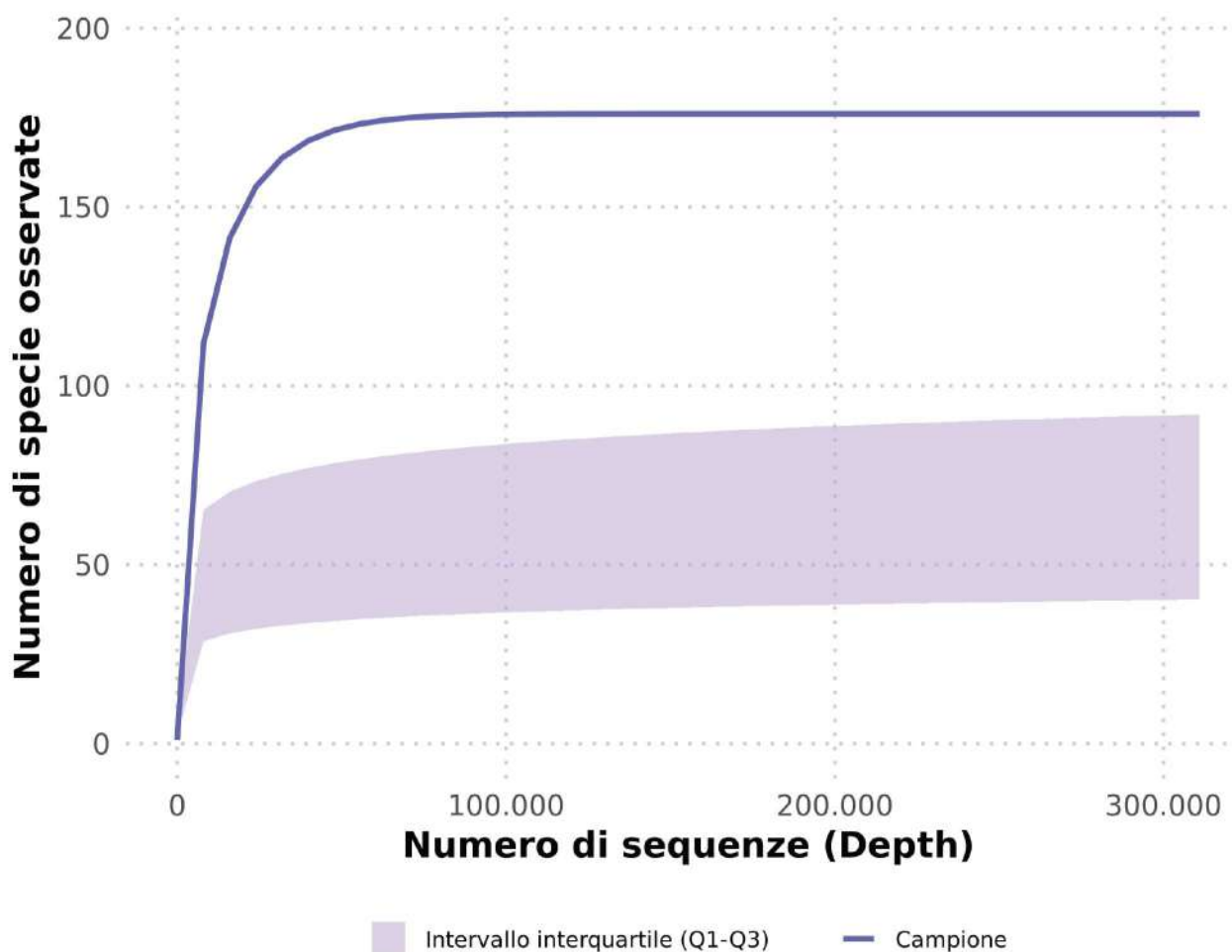
Specie	Abbondanza %		Popolazione
Lactobacillus iners	89.9305	†	0 ~ 14.2614
Staphylococcus epidermidis	2.121	†	0 ~ 0.0433
Weissella jogaejeotgali	1.2149	o	~
Ureaplasma parvum	0.6435	†	0 ~ 0.1561
Cutibacterium acnes	0.5199	†	0 ~ 0.0491
Hoylesella buccalis	0.5097	†	0 ~ 0.239
Achromobacter marplatensis	0.4685	o	~
Lactobacillus jensenii	0.3758	-	0 ~ 46.0294
Winkia neuii	0.3295	†	0 ~ 0.1117
Corynebacterium marquesiae	0.3192	†	0 ~ 0.0456
Altri Taxa	0.8443	o	~

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



VG Microbiome-X® advanced report v2.0

SPECIE NON BATTERICHE

Specie	Abbondanza %	Tipo
Sepunavirus IPLAC1C	0.0257	Virus
Sepunavirus SEP1	0.0206	Virus
Ghuizhouvirus A1432	0.0206	Virus
Kayvirus G1	0.0103	Virus

Nota metodologica: I microrganismi riportati nella tabella non sono selezionati a priori né derivano da un elenco predefinito. La tabella non è fissa, ma viene generata in modo dinamico sulla base delle sequenze effettivamente rilevate nel campione analizzato al momento dell'esame. Per quanto riguarda il rilevamento delle sequenze virali, l'identificazione mediante sequenziamento metagenomico shotgun è influenzata dalla qualità e dall'integrità del campione, nonché dalla copertura di sequenziamento. L'assenza di una determinata specie virale nel referto non esclude la possibilità di infezione. Ai fini di una conferma diagnostica di patogeni virali specifici, si raccomanda l'impiego di metodiche mirate come quelle di Real-Time PCR

VG Microbiome-X® advanced report v2.0



MICROORGANISMI ASSOCIATI A VAGINOSI

Generi o Specie	Stato	Abbondanza %
Gardnerella	Assente	0
Atopobium	Assente	0
Prevotella	Assente	0
Mobiluncus	Assente	0
Sneathia	Assente	0
Leptotrichia	Assente	0
Megasphaera	Assente	0
Eggerthella	Assente	0
Peptoniphilus	Assente	0
Dialister	Assente	0
Gardnerella vaginalis	Assente	0
Atopobium vaginae	Assente	0
Mobiluncus curtisii	Assente	0
Mobiluncus mulieris	Assente	0
Peptoniphilus lacrimalis	Assente	0
BVAB1 (Clostridiales)	Assente	0
BVAB2 (Clostridiales)	Assente	0
BVAB3 (Clostridiales)	Assente	0
BVAB-TM7 / Saccharibacteria	Assente	0
Megasphaera phylotype 1	Assente	0
Megasphaera phylotype 2	Assente	0

Nota: La tabella riporta la presenza o l'assenza di un elenco fisso e predeterminato di microrganismi selezionati sulla base della loro documentata associazione con la vaginosi batterica. A differenza delle tabelle generate dinamicamente dal sequenziamento, questo elenco è definito a priori e comprende specifici taxa di interesse clinico considerati rilevanti per la valutazione della condizione.

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

CANDIDA Spp.

Specie	Stato	Abbondanza %
Candida albicans	Assente	0
Candida glabrata	Assente	0
Candida tropicalis	Assente	0
Candida parapsilosis	Assente	0
Candida krusei	Assente	0

Nota: La tabella riporta la presenza o l'assenza di un elenco fisso e predeterminato di microrganismi selezionati sulla base della loro documentata associazione con candidosi vaginale. A differenza delle tabelle generate dinamicamente dal sequenziamento, questo elenco è definito a priori e comprende specifici taxa di interesse clinico considerati rilevanti per la valutazione della candidosi.

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

MALATTIE SESSUALMENTE TRASMESSE

Specie	Stato
Ureaplasma parvum	Presente
Chlamydia trachomatis	Assente
Neisseria gonorrhoeae	Assente
Mycoplasma genitalium	Assente
Mycoplasma hominis	Assente
Ureaplasma urealyticum	Assente
Trichomonas vaginalis	Assente

Nota: La tabella riporta la presenza o l'assenza di un elenco fisso e predeterminato di microrganismi selezionati sulla base della loro documentata associazione con le infezioni sessualmente trasmissibili. A differenza delle tabelle generate dinamicamente dal sequenziamento, questo elenco è definito a priori e comprende specifici taxa di interesse clinico considerati rilevanti per la valutazione della condizione.

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

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.

Il profilo del campione mostra una chiara dominanza di *Lactobacillus iners*, associata a un ambiente acido e compatibile con una condizione generalmente stabile. Il valore di diversità è basso, come atteso in un microbioma vaginale in equilibrio, e gli indicatori predittivi risultano coerenti con un rischio molto ridotto di squilibri batterici. La presenza concomitante di una quota minore di *Lactobacillus jensenii* rappresenta un elemento ulteriore di protezione biologica. Si osservano piccole percentuali di specie cutanee o ambientali, che possono riflettere variabilità individuale o contributi transitori. La rilevazione di *Ureaplasma parvum* a bassa abbondanza rientra in un quadro possibile di portocolonizzazione, senza implicazioni cliniche automatiche in assenza di sintomi. Il test non evidenzia segnali riferibili a miceti o batteri tipicamente associati a vaginosi. Il pH stimato e il valore Nugent predetto risultano in linea con un microbioma in assetto fisiologico. È utile ricordare che *L. iners*, pur comune, può essere più flessibile rispetto ad altre specie del genere e talvolta più sensibile a variazioni locali, motivo per cui eventuali cambiamenti sintomatologici meritano attenzione clinica. I dati derivano da analisi metagenomica e riflettono la presenza di DNA microbico, che può risentire della carica biologica del campione o di fattori tecnici. L'interpretazione definitiva spetta al clinico nel contesto della storia personale e dell'eventuale quadro sintomatologico.

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

TAVOLA TASSONOMICA

Phylum	Genere	Specie	Abbondanza %	Popolazione %	
Bacillota	Lactobacillus	Lactobacillus iners	89.9305	0 - 14.2614	†
Bacillota	Staphylococcus	Staphylococcus epidermidis	2.121	0 - 0.0433	†
Bacillota	Weissella	Weissella jogaejeotgali	1.2149	-	○
Mycoplasmata	Ureaplasma	Ureaplasma parvum	0.6435	0 - 0.1561	†
Actinomycetota	Cutibacterium	Cutibacterium acnes	0.5199	0 - 0.0491	†
Bacteroidota	Hoylella	Hoylella buccalis	0.5097	0 - 0.239	†
Pseudomonadota	Achromobacter	Achromobacter marplatensis	0.4685	-	○
Bacillota	Lactobacillus	Lactobacillus jensenii	0.3758	0 - 46.0294	-
Actinomycetota	Winkia	Winkia neuii	0.3295	0 - 0.1117	†
Actinomycetota	Corynebacterium	Corynebacterium marquesiae	0.3192	0 - 0.0456	†
Bacteroidota	Bacteroides	Bacteroides thetaiotaomicron	0.1853	0 - 0	†
Bacillota	Staphylococcus	Staphylococcus hominis	0.1647	0 - 0.02	†
Bacillota	Fingoldia	Fingoldia magna	0.1441	0 - 0.3214	-
Bacteroidota	Alistipes	Alistipes onderdonkii	0.1236	0 - 0	†
Bacteroidota	Porphyromonas	Porphyromonas asaccharolytica	0.1236	0 - 0.0465	†
Bacillota	Aerococcus	Aerococcus christensenii	0.103	0 - 0.0851	†

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

MICROBIOMA E METAGENOMICA

Lo studio del microbiota vaginale è iniziato con l'impiego di metodologie colturali, basate sulla crescita dei microrganismi su terreni specifici in laboratorio. Questi approcci hanno rappresentato un primo passo fondamentale per la caratterizzazione dell'ecosistema vaginale, ma presentano importanti limitazioni: molti microrganismi vaginali sono difficilmente coltivabili in condizioni artificiali o richiedono condizioni particolari, rendendo l'analisi solo parziale. Si stima infatti che le tecniche coltura-dipendenti permettano di esplorare soltanto una frazione della reale diversità microbica presente nell'ambiente vaginale.

Con l'introduzione delle tecnologie molecolari è stato possibile superare molti di questi ostacoli. L'attenzione si è spostata dal microrganismo vivo al suo materiale genetico (DNA), che può essere estratto direttamente dal campione vaginale e analizzato in modo simultaneo e indipendente dalla coltura. Questo approccio, noto come metagenomica, consente uno studio molto più completo e rappresentativo del microbiota, includendo anche specie difficilmente coltivabili o non ancora completamente caratterizzate. 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 vaginale fornisce una panoramica dettagliata della composizione microbica dell'ambiente genitale femminile, evidenziando eventuali squilibri (disbiosi), variazioni nella dominanza dei Lattobacilli e presenza di batteri, funghi o altri microrganismi potenzialmente rilevanti.

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

- Disturbi vaginali ricorrenti: come vaginosi batterica, candidosi vulvo-vaginale recidivante, vaginiti aspecifiche, leucorrea, bruciore, prurito o cattivo odore.
- Alterazioni del pH e della flora vaginale: ad esempio in caso di uso prolungato di antibiotici, terapie ormonali, contraccettivi, menopausa o altri fattori che possono modificare l'equilibrio microbico locale.
- Inquadramento di infezioni sessualmente trasmesse (MST/IST) nel contesto del microbiota vaginale: per valutare la co-presenza di patogeni e l'assetto complessivo dell'ecosistema.
- Fertilità e salute riproduttiva: il profilo del microbiota vaginale può fornire informazioni utili in percorsi preconcezionali, di procreazione medicalmente assistita o in caso di perdite gravidiche ricorrenti, se integrato con la valutazione clinica.
- Supporto personalizzato al benessere intimo: il profilo ottenuto può orientare strategie di riequilibrio mirato (es. igiene intima, probiotici specifici, stili di vita) da definire con il professionista di riferimento.

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

TECNOLOGIA E METODO DI ANALISI

Il test Microbioma Vaginal 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 vaginale.

Il processo analitico prevede le seguenti fasi:

- Estrazione del DNA microbico dal campione vaginale (es. tampone o secrezione vaginale).
- Sequenziamento shotgun dell'intero DNA estratto, per catturare la massima diversità microbica possibile.
- Classificazione tassonomica (e, se applicabile, funzionale) dei microrganismi presenti, mediante confronto con database di riferimento aggiornati e validati.

VG Microbiome-X® advanced report v2.0

- Quantificazione relativa delle specie microbiche identificate, con calcolo di indici ecologici (es. diversità, dominanza lattobacillare, marker associati a BV, Candida, MST).

Questa metodica permette non solo di determinare la composizione del microbiota vaginale (a livello di phylum, genere e specie), ma anche di individuare eventuali squilibri (disbiosi), dominanze non fisiologiche, presenza di microrganismi potenzialmente patogeni o opportunisti e profili associati a condizioni rilevanti per la salute ginecologica e riproduttiva.

LIMITI DEL TEST

Il presente test non ha valore diagnostico. Rappresenta una fotografia del microbiota vaginale del soggetto al momento del campionamento, ottenuta mediante sequenziamento metagenomico shotgun dell'intero DNA microbico estratto dal campione. I risultati forniti riguardano esclusivamente la composizione tassonomica (ed eventuali marker associati) del microbiota vaginale e devono essere interpretati nel contesto clinico individuale, in collaborazione con un professionista qualificato. L'analisi si basa sul confronto tra il microbiota vaginale del soggetto e un database di riferimento composto da campioni di donne considerate sane. Tuttavia, le caratteristiche individuali (età, fase del ciclo, stato ormonale, gravidanza, dieta, stile di vita, uso di farmaci o contraccettivi, patologie pregresse o attuali) possono influenzare significativamente la composizione del microbiota e non sono considerate in modo automatico nell'elaborazione. La rilevazione dei microrganismi si basa sull'abbondanza relativa di DNA e non consente di distinguere tra ceppi patogeni e non patogeni all'interno della stessa specie. Il test non rileva direttamente infiammazione, infezione in atto o altre condizioni cliniche specifiche, né sostituisce esami microbiologici convenzionali, citologici o strumentali. Alcune specie a bassa abbondanza potrebbero non essere rilevate o risultare sottostimate a causa della soglia di sensibilità della tecnologia utilizzata. La presenza di DNA umano nel campione (es. cellule epiteliali vaginali), se in quantità elevate, può ridurre la qualità e l'affidabilità dell'analisi. Eventuali indicazioni sul piano igienico-comportamentale, nutrizionale o integrativo riportate nel referto hanno valore orientativo e non sostituiscono la valutazione medica o ginecologica personalizzata.

BIBLIOGRAFIA

1. Ravel J, Gajer P, Abdo Z, et al. Vaginal microbiome of reproductive-age women. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2011;108 Suppl 1(Suppl 1):4680-4687. doi:10.1073/pnas.1002611107
2. Deng T, Shi J, Qiu X, et al. Log (*Lactobacillus crispatus*/*Gardnerella vaginalis*): a new indicator of diagnosing bacterial vaginosis. *Bioengineered*. 2022;13(2):2921-2933. doi:10.1080/21655979.2022.2035757
3. Nugent R, Krohn MA, Hillier SL. Reliability of diagnosing bacterial vaginosis is improved by a standardized method of gram stain interpretation. *J Clin Microbiol*. 1991;29(2):297-301. doi:10.1128/jcm.29.2.297-301.1991
4. Amsel R, Totten PA, Spiegel CA, Chen KC, Eschenbach D, Holmes KK. Nonspecific vaginitis. Diagnostic criteria and microbial and epidemiologic associations. *Am J Med*. 1983;74(1):14-22. doi:10.1016/0002-9343(83)91112-6
5. Ma ZS, Li L. Quantifying the human vaginal community state types (CSTs) with the species specificity index. *PeerJ*. 2017;5:e33366. doi:10.7717/peerj.3366
6. Schwebke JR, Hillier SL, Lewis LS, Lensing SY. Utility of Amsel criteria, Nugent score, and quantitative PCR for *Gardnerella vaginalis*, *Mycoplasma hominis*, and *Lactobacillus* spp. for diagnosis of bacterial vaginosis in human immunodeficiency virus-infected women. *J Clin Microbiol*. 2005;43(9):4607-4612. doi:10.1128/JCM.43.9.4607-4612.2005
7. Albert AYK, Matheson J, Anderson C, et al. A shotgun sequencing of the vaginal microbiome reveals both a phylum and species level association with preterm birth. *npj Biofilms Microbiomes*. 2020;6(1):41. doi:10.1038/s41522-020-00162-8
8. Song J, Cheng Y, Zhang L, et al. Interpretation of vaginal metagenomic characteristics in different types of vaginitis using deep learning. *mSystems*. 2024;9(4):e0137723. doi:10.1128/msystems.01377-23
9. Huo Y, Li H, Zhang X, et al. Meta-analysis of metagenomics reveals the signatures of vaginal microbiomes in different ethnicities. *iScience*. 2022;25(4):103989. doi:10.1016/j.isci.2022.103989
10. van den Munckhof EHA, van Veen SQ, Stevens F, et al. Comparison of Amsel criteria, Nugent score, culture and molecular testing in the diagnosis of bacterial vaginosis. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2019;38(9):1643-1650. doi:10.1007/s10096-019-03582-3