BIOGENERA®

Livello 1 - Essential
GUT TEST: Analisi del microbioma intestinale - componente batterica

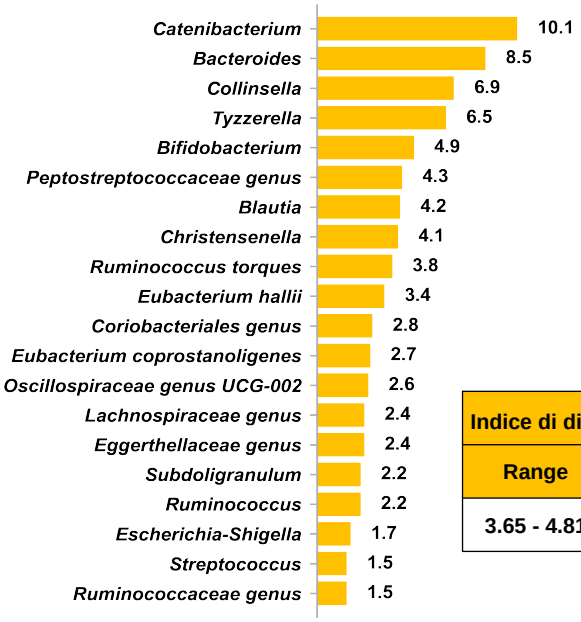
Gut Test — Powered by MicrobiomeAnalytics

Report:

Data: xx/xx/xxxx

Composizione Microbiota Intestinale

Riporta la composizione del microbiota in termini di abbondanza percentuale dei vari batteri e il relativo livello di biodiversità



Indice di diversità Shannon	
Range	**Valore**
3.65 - 4.81	5.81

Abbondanza batteri promotori della salute

Riporta l'abbondanza percentuale dei principali batteri promotori della salute, l'indicatore è **verde** se il batterio è all'interno dell'intervallo di riferimento di soggetti sani, **rosso** se è fuori. **NR 'non rilevato'**

Batteri	Range (%)	Valore (%)	
Blautia	2.8 - 13.9	4.2	
Bacteroides	0.6 - 10.8	8.5	
Bifidobacterium	0.0 - 10.6	4.9	
Faecalibacterium	0.1 - 8.6	1.3	
Ruminococcus	0.0 - 6.1	2.2	
Akkermansia	0.0 - 4.0	0.8	
Christensenella	0.0 - 4.4	4.1	
Parabacteroides	0.0 - 0.7	1.1	
Eubacterium hallii	0.0 - 0.5	3.4	
Lactobacillus	0.0 - 0.5	0.0	NR
Roseburia	0.0 - 0.5	0.0	NR
Coprococcus	0.0 - 0.5	0.0	NR
Lachnospira	0.0 - 0.5	0.0	NR

Struttura del microbiota

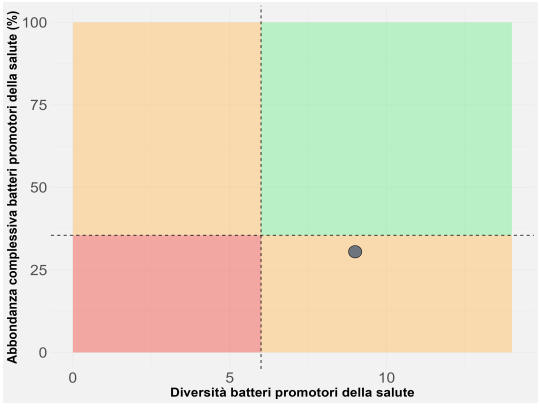
Tramite il confronto tra la distribuzione di abbondanza dei batteri rilevati nel microbiota in esame con l'analoga distribuzione nella popolazione di riferimento, ne viene definita la struttura. Se **l'indicatore è in area verde** il microbiota intestinale in esame ha una struttura tipica di un **microbiota in salute**. Se **l'indicatore è all'esterno dell'area verde** viene rilevata una **alterazione strutturale**, ovvero una variazione delle distribuzione di abbondanza dei batteri rispetto alle condizioni di salute. In funzione del particolare tipo di alterazione vengono individuate **differenti variazioni strutturali.**

- **Dominanza relativa**: l'alterazione della composizione del microbiota è dovuta alla dominanza relativa di uno specifico batterio, che coesiste con altri batteri minoritari.
- **Dominanza assoluta**: l'alterazione della composizione del microbiota è dovuta alla dominanza assoluta di uno specifico batterio.
- **Perdita di diversità relativa**: l'alterazione della composizione del microbiota è dovuta alla mancanza di batteri dominanti.
- **Perdita di diversità assoluta**: l'alterazione della composizione del microbiota è dovuta alla mancanza sia di batteri dominanti che di sub-dominanti.



Indice Biodiversità batteri promotori della salute

L'indice in **zona verde** indica un **profilo batterico favorevole**, caratterizzato da una diversità e abbondanza di batteri promotori della salute tipiche di un **microbiota sano**. In **zona arancione**, solo uno dei due parametri risulta in linea con un microbiota equilibrato. In **zona rossa**, invece, **entrambi i valori sono inferiori ai livelli attesi**, suggerendo suggerendo una alterazione della composizione del microbiota con un possibile impatto sulla salute.





Condizione del microbiota

Sulla base della valutazione della struttura del microbiota e del profilo dei batteri promotori della salute, il microbiota in esame risulta in uno stato generale di **DISBIOSI**, caratterizzato da **un'alterazione della struttura del microbiota e una ridotta abbondanza dei batteri promotori della salute**.

Batteri in Eccesso o in Carenza

Vengono di seguito riportati i batteri del microbiota intestinale che hanno un valore di **abbondanza percentuale in eccesso** o **in carenza** rispetto alla soglia alla soglia nella popolazione sana

Gut Test

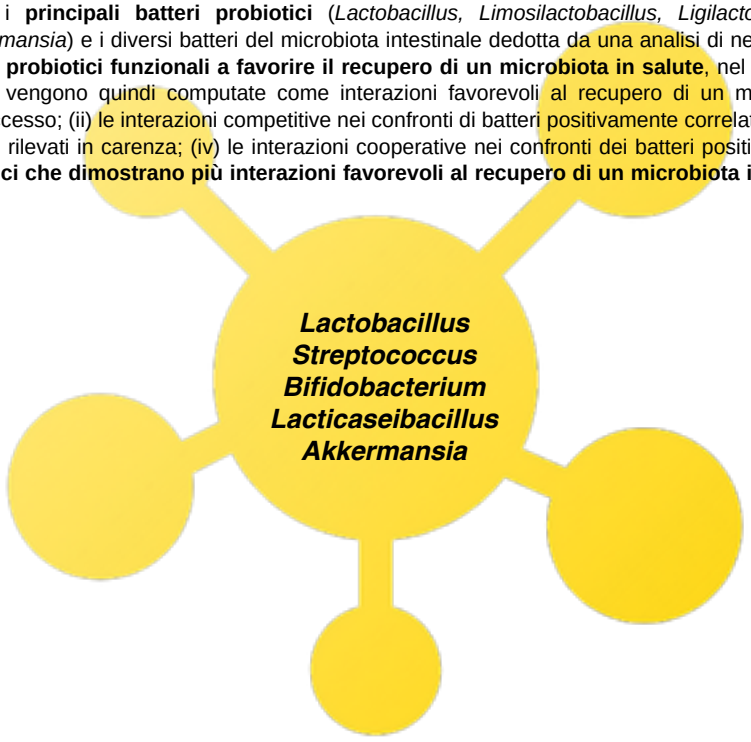
Batteri in Eccesso	Range (%)	Valore (%)
Catenibacterium	0 - 0.1	10.1
Tyzzerella	0 - 0.1	6.5
Peptostreptococcaceae genus	0 - 0.1	4.3
Ruminococcus torques	0 - 0.1	3.8
Eubacterium hallii	0 - 0.1	3.4
Coriobacteriales genus	0 - 0.1	2.8
Eubacterium coprostanoligenes	0 - 0.1	2.7
Ruminococcaceae genus	0 - 0.1	2.5
Eggerthellaceae genus	0 - 0.1	2.4
Lachnospiraceae genus	0 - 0.1	2.4
Clostridium innocuum	0 - 0.1	1.5
Oscillospiraceae genus	0 - 0.1	1.5
Fusicatenibacter	0 - 0.1	1.1
Methanobrevibacter	0 - 0.1	1.1
Clostridia genus	0 - 0.1	1.1
Escherichia-Shigella	0 - 0.8	1.7
Parabacteroides	0 - 0.7	1.1
Ruminococcus gauvreauii	0 - 0.1	0.5
Succinivibrio	0 - 0.1	0.5
Collinsella	0 - 6.6	6.9
Eubacterium ventriosum	0 - 0.1	0.4
Desulfovibrio	0 - 0.1	0.4
Butyricimonas	0 - 0.1	0.4
Anaeroboracaceae genus	0 - 0.2	0.5
Sutterella	0 - 0.1	0.3
Oscillibacter	0 - 0.1	0.3
Lachnoclostridium	0 - 0.1	0.2
Actinomyces	0 - 0.1	0.2
Prevotella	0 - 0.1	0.2
Colidextribacter	0 - 0.1	0.2
Peptoniphilus	0 - 0.1	0.2
Fusobacterium	0 - 0.1	0.2

Predizione dell'impatto di batteri probiotici sulla condizione di disbiosi rilevata

Sulla base delle **relazioni di cooperazione o competizione** tra i **principali batteri probiotici** (*Lactobacillus, Limosilactobacillus, Ligilactobacillus, Lacticaseibacillus, Streptococcus, Bifidobacterium, Lactococcus e Akkermansia*) e i diversi batteri del microbiota intestinale dedotta da una analisi di networking nella popolazione di riferimento, **vengono individuati i migliori batteri probiotici funzionali a favorire il recupero di un microbiota in salute**, nel contesto delle specifiche condizioni di disbiosi rilevate. Per ciascun probiotico vengono quindi computate come interazioni favorevoli al recupero di un microbiota bilanciato: (i) le interazioni competitive nei confronti di batteri rilevati in eccesso; (ii) le interazioni competitive nei confronti di batteri positivamente correlati a quelli rilevati in eccesso; (iii) le interazioni cooperative nei confronti dei batteri rilevati in carenza; (iv) le interazioni cooperative nei confronti dei batteri positivamente correlati a quelli in carenza. **Vengono quindi riportati i batteri probiotici che dimostrano più interazioni favorevoli al recupero di un microbiota in salute** nel contesto della specifica disbiosi rilevata.

Probiotico/i: *Lactobacillus - Streptococcus - Bifidobacterium - Lacticaseibacillus - Akkermansia*

Promuovono	Contrastano
Bifidobacterium	*Fusicatenibacter*
Lactobacillus	*Desulfovibrio*
	Butyricimonas
	Parabacteroides
	Prevotella
	Oscillibacter



È meno indicato l'uso di prodotti probiotici contenenti: ***Limosilactobacillus***