BIOGENERA®

Livello 3 - Premium
GUT TEST: Analisi del microbioma intestinale - componente batterica

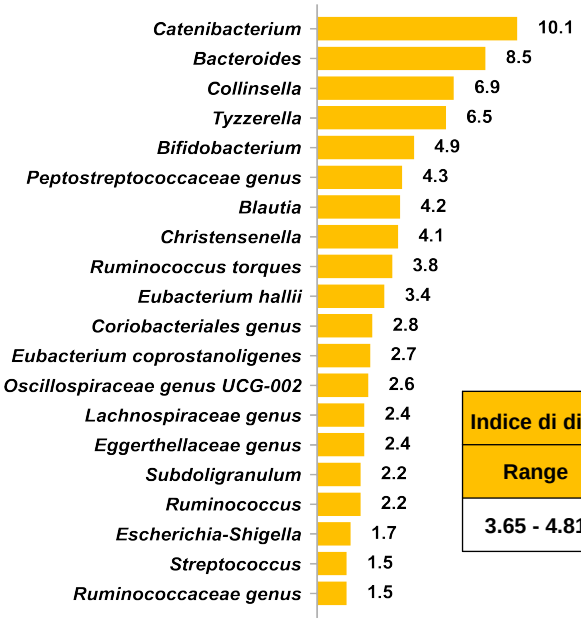
Gut Test — Powered by MicrobiomeAnalytics

Report:

Data: 24/11/2026

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

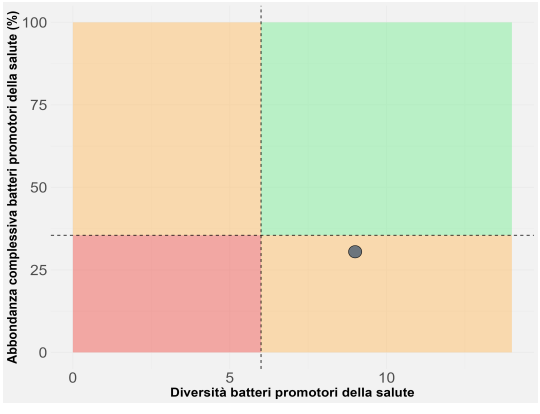
Tramite il confronto tra la distribuzione di abbondanza dei batteri rilevati nel microbiota in esame con l'analoga distribuzione nella popolazione di riferimento, ne viene definita la struttura. Se **l'indicatore è in area verde** il microbiota intestinale in esame ha una struttura tipica di un **microbiota 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

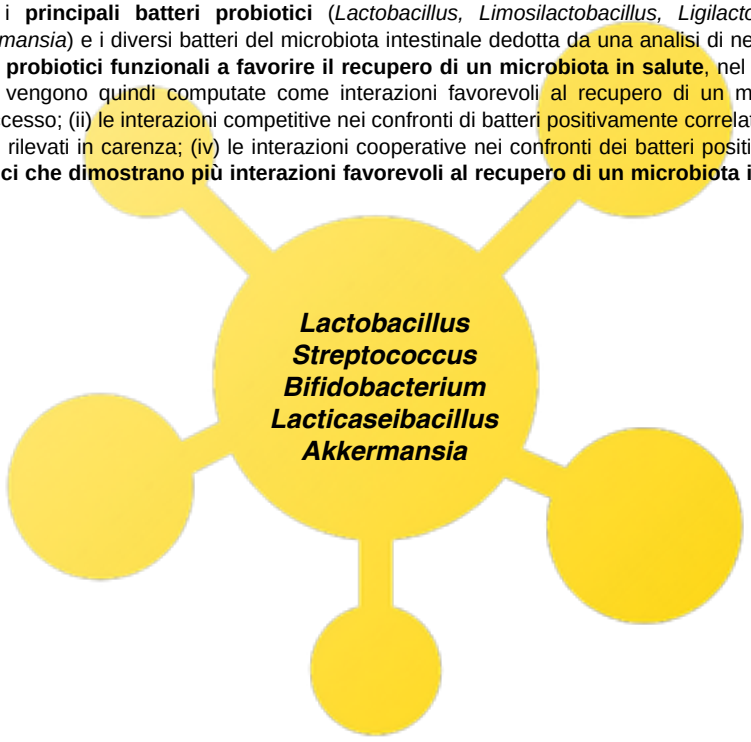
Batteri in Eccesso	Range (%)	Valore (%)
Catenibacterium	0 - 0.1	10.1
Tyzzerella	0 - 0.1	6.5
Peptostreptococcaceae genus	0 - 0.1	4.3
Ruminococcus torques	0 - 0.1	3.8
Eubacterium hallii	0 - 0.1	3.4
Coriobacteriales genus	0 - 0.1	2.8
Eubacterium coprostanoligenes	0 - 0.1	2.7
Ruminococcaceae genus	0 - 0.1	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***

GUT TEST: Analisi microbioma intestinale - componente fungina

Composizione del micobiota intestinale

L'analisi del microbiota intestinale ha evidenziato la presenza di diversi taxa fungini, riportati in termini di abbondanza relativa dei generi identificati (% sul totale delle sequenze fungine rilevate). Le abbondanze relative sono state calcolate sulla base delle sequenze ITS ottenute mediante analisi metagenomica.

Miceti	Abbondanza relativa (%)
Aspergillus	49.0
Mucor	31.3
Trichophyton	4.3
Hortaea	3.5
Pichia	3.5
Saccharomyces	3.5
Non Classificabile	4.9

GUT TEST: Analisi del microbioma intestinale - metagenomica shotgun

Profilazione batterica a livello di specie

Riporta l'abbondanza percentuale delle 15 specie batteriche piú abbondanti identificate tramite metodologia di sequenziamento metagenomico shotgun. "*La lista completa delle specie identificate è disponibile su richiesta*".

Strain batterici	Abbondanza relativa (%)
Catenibacterium mitsuokai	8.6
Collinsella aerofaciens	6.4
Tyzzerella nexilis	5.9
Bacteroides uniformis	4.6
Christensenella minuta	3.4
Bacteroides vulgatus	3.2
Ruminococcus torques	3.2
Eubacterium hallii	3.1
Bifidobacterium adolescentis	2.7
Eubacterium coprostanoligenes	2.3
Blautia wexlerae	2.2
Subdoligranulum variabile	1.9
Bifidobacterium longum	1.8
Escherichia coli	1.0
Streptococcus salivarius	0.8

Composizione virale del micobiota intestinale

Riporta i principali virus a DNA ricercati all'interno del campione analizzato tramite metodologia di sequenziamento shotgun. L'indicazione "**Non rilevato**", indica l'assenza del DNA virale corrispondente all'interno del campione fecale. *"La lista completa di virus ricercati è attualmente disponibile su richiesta."*

Virus	Abbondanza relativa (%)
Herpesvirus	Non Rilevato
Cytomegalovirus	Non Rilevato
Papillomavirus	Non Rilevato
T-lymphotropic virus 4	Non Rilevato
Brisavirus VW	Non Rilevato
Vientovirus MW	Non Rilevato
Torque teno midi virus	Non Rilevato

Composizione parassitologica del microbiota intestinale

Riporta i parassiti ricercati all'interno del campione analizzato tramite metodologia di sequenziamento shotgun. L'indicazione "**Non Rilevato**" indica l'assenza del DNA del parassita all'interno del campione fecale.

Parassita	Abbondanza relativa (%)
Ancylostoma duodenale	Non Rilevato
Ascaris lumbricoides	Non Rilevato
Blastocystis hominis	Non Rilevato
Clonorchis sinensis	Non Rilevato
Cyclospora cayetanensis	Non Rilevato
Dracunculus medinensis	Non Rilevato
Echinococcus granulosus	Non Rilevato
Echinococcus multilocularis	Non Rilevato
Entamoeba dispar	Non Rilevato
Entamoeba histolytica	Non Rilevato
Enterobius vermicularis	Non Rilevato
Giardia intestinalis	Non Rilevato
Giardia lamblia	Non Rilevato

Parassita	Abbondanza relativa (%)
Onchocerca volvulus	Non Rilevato
Rodentolepis nana	Non Rilevato
Schistosoma mansoni	Non Rilevato
Strongyloides stercoralis	Non Rilevato
Taenia solium	Non Rilevato
Toxoplasma gondii	Non Rilevato
Trichomonas vaginalis	Non Rilevato
Trypanosoma cruzi	Non Rilevato

BIOGENERA®

ORAL TEST: Analisi del microbioma orale - componente batterica

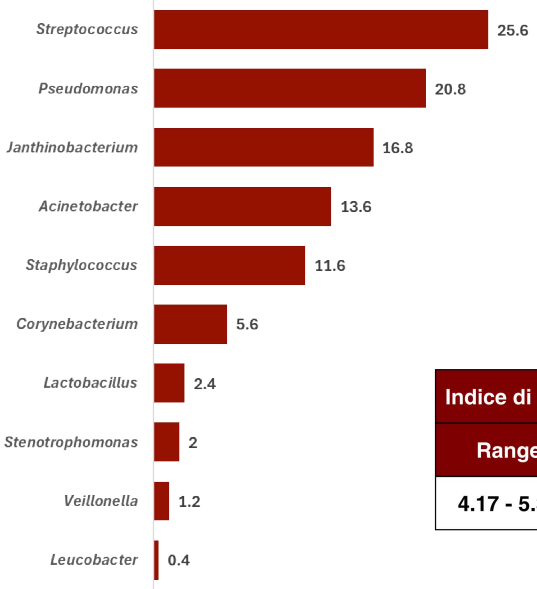
OralTest Powered by MA MicrobiomeAnalytics

Report:

Data: xx/xx/xxxx

Composizione Microbiota Orale

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



Indice di diversità Shannon	
Range	Valore
4.17 - 5.37	3.27

Abbondanza batteri promotori della salute

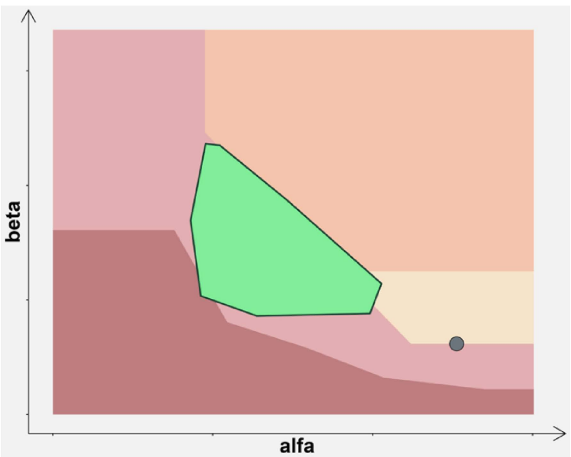
Riporta l'abbondanza percentuale dei principali batteri promotori della salute, l'indicatore è **verde** se il batterio è all'interno dell'intervallo di riferimento di soggetti sani, **rosso** se è fuori. **NR 'non rilevato'**

Batteri	Range (%)	Valore (%)
Prevotella	6.9 - 30.8	0.0
Veillonella	6.9 - 24.9	1.2
Streptococcus	4.0 - 22.0	25.6
Haemophilus	0.3 - 17.0	0.0
Rothia	0.0 - 5.1	0.0 NR
Letotrichia	0.0 - 3.5	0.0 NR
Fusobacterium	0.0 - 3.8	0.0 NR
Capnocytophaga	0.0 - 2.2	0.0 NR
Corynebacterium	0.0 - 0.5	5.6

Struttura del microbiota

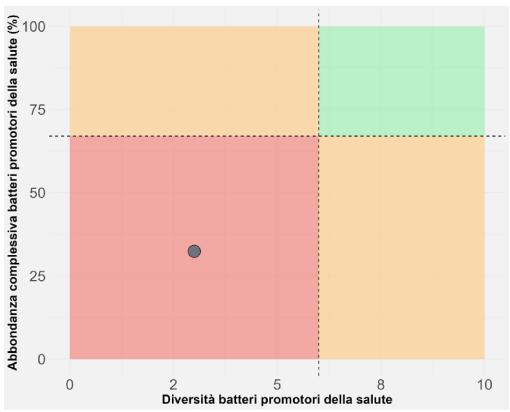
Tramite il confronto tra la distribuzione di abbondanza dei batteri rilevati nel microbiota in esame con l'analoga distribuzione nella popolazione di riferimento, ne viene definita la struttura. Se **l'indicatore è in area verde** il microbiota orale in esame ha una struttura tipica di un **microbiota 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.**

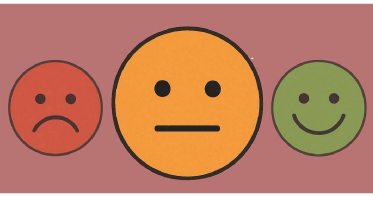
- **Dominanza relativa**: l'alterazione della composizione del microbiota è dovuta alla dominanza relativa di uno specifico batterio, che coesiste con altri batteri minoritari.
- **Dominanza assoluta**: l'alterazione della composizione del microbiota è dovuta alla dominanza assoluta di uno specifico 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 diversità e abbondanza dei batteri promotori della salute.**

Batteri in Eccesso o in Carenza

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

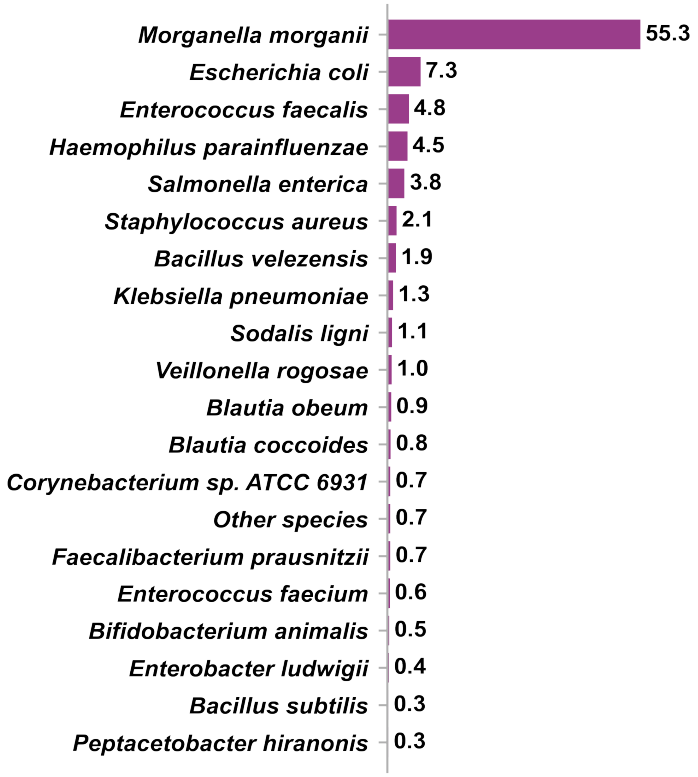
Batteri in Eccesso	Range (%)	Valore (%)
Pseudomonas	0 - 0.1	20.8
Janthinobacterium	0 - 0.1	16.8
Acinetobacter	0 - 0.1	13.6
Staphylococcus	0 - 0.1	11.6
Corynebacterium	0 - 0.2	5.6
Streptococcus	4 - 22.0	25.6
Lactobacillus	0 - 0.1	2.4
Stenotrophomonas	0 - 0.1	2.0

Batteri in Carenza	Range (%)	Valore (%)
Prevotella	6.9 - 30.8	0.0
Veilonella	6.9 - 24.9	1.2
Haemophilus	0.3 - 17.0	0.0
Alloprevotella	0.1 - 7.2	0.0

Composizione, Diversità e Urotipo del microbiota urinario

Composizione:

Viene riporta **l'abbondanza relativa percentuale delle specie batteriche** rilevate nel microbiota urinario in esame



Urotipo:

In funzione dei batteri dominanti il microbiota urinario, ne viene determinata l'appartenenza ad uno specifico **urotipo (Indicatore verde)**

Urotipo	
Lactobacillus	
Gardnerella	
Bacteroides	
Diverso	●

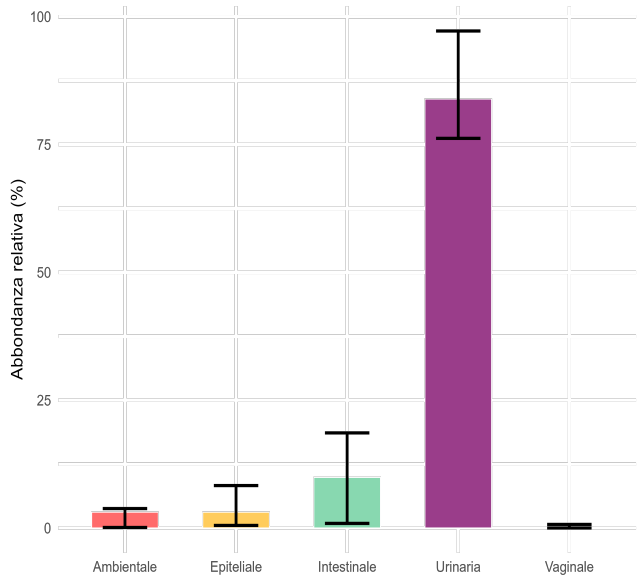
Diversità:

Vengono indicati i valori di biodiversità del microbiota del soggetto, con indicatore **verde** se è all'interno dell'intervallo dell'urotipo di riferimento o **rosso** se è inferiore o superiore

Batteri	Range	Valore	
Indice di Shannon	1.64 - 2.79	2.35	●

Origine ed Ecologia del microbiota urinario

Valutando l'abbondanza relativa di batteri di nota provenienza **Urinaria, Intestinale, Vaginale, Epiteliale o Ambientale** nel microbiota urinario, **ne vengono dedotte le origini in termini di contributo percentuale dai vari ecosistemi di provenienza**. Le barre nere indicano il contributo percentuale dei diversi ecosistemi di provenienza tipici dell'urotipo individuato. Nel riquadro viene mostrato un **indicatore verde** se l'origine e l'assetto ecologico del microbiota urinario in esame sono **coerenti con l'urotipo individuato**, in caso contrario viene mostrato un **indicatore rosso**.



Ecologia del microbiota urinario coerente con urotipo individuato
●

Abbondanza dei batteri di origine intestinale, ambientale, vaginale ed epiteliale

Viene riportata l'abbondanza percentuale dei batteri di nota origine **intestinale, ambientale, vaginale ed epiteliale** nel microbiota **urinario in esame**, e l'abbondanza complessiva degli stessi. Se il valore è all'interno dell'intervallo dell'urotipo di riferimento viene mostrato un indicatore **verde**, se è superiore o inferiore viene mostrato un **indicatore rosso. NR = Non Rilevato**

Uro Test

Origine Intestinale

Batteri	Range (%)	Abbondanza Relativa(%)	
Bacteroides	0.0 - 0.1	0.0	NR
Clostridium gut group	0.0 - 1.5	0.2	
Faecalibacterium	0.0 - 0.1	0.8	
Ruminococcus	0.0 - 0.1	0.1	
Bifidobacterium	0.0 - 2.5	0.6	
Akkermansia	0.0 - 0.1	0.0	NR
Roseburia	0.0 - 0.1	0.0	NR
Blautia	0.0 - 0.1	1.9	
Coprococcus	0.0 - 0.1	0.4	
Eubacterium	0.0 - 0.1	0.0	NR
Anaerostipes	0.0 - 0.1	0.2	
Dorea	0.0 - 0.1	0.2	
Enterococcus	0.0 - 1.1	5.5	
Prevotella	0.5 - 14.7	0.0	
Abbondanza complessiva	**0.9 - 18.6**	**9.9**	

Origine Ambientale

Batteri	Range (%)	Abbondanza Relativa(%)	
Bacillus	0.0 - 2.4	2.6	
Pseudomonas	0.0 - 0.1	0.1	
Streptomyces	0.0 - 0.1	0.0	NR
Acinetobacter	0.0 - 0.2	0.3	
Sphingomonas	0.0 - 0.1	0.0	NR
Arthrobacter	0.0 - 0.1	0.0	NR
Clostridium	0.0 - 0.1	0.1	
Abbondanza complessiva	**0.1 - 3.8**	**3.1**	

Origine Epiteliale

Batteri	Range (%)	Abbondanza Relativa(%)	
Staphylococcus	0.0 - 1.7	2.3	
Corynebacterium	0.3 - 6.5	0.8	
Cutibacterium	0.0 - 0.1	0.0	NR
Abbondanza complessiva	**0.5 - 8.3**	**3.1**	

Origine Vaginale

Specie batteriche	Range (%)	Abbondanza Relativa(%)	
Lactobacillus crispatus	0 - 0.1	0	NR
Lactobacillus iners	0 - 0.1	0	NR
Lactobacillus jensenii	0 - 0.1	0	NR
Lactobacillus gasseri	0 - 0.3	0	NR
Gardnerella vaginalis	0 - 0.1	0	NR
Abbondanza complessiva	**0 - 0.7**	**0**	

Abbondanza dei principali batteri patogeni del tratto urinario

Viene riportata l'abbondanza percentuale dei batteri patogeni identificati nel microbiota urinatio in esame e la loro abbondanza complessiva. Se il valore è all'interno dell'intervallo dell'urotipo di riferimento viene mostrato un indicatore **verde**, se è superiore o inferiore viene mostrato un **indicatore rosso. NR = Non Rilevato**

Batteri patogeni

Specie batteriche	Range (%)	Abbondanza Relativa (%)	
Escherichia coli	0 - 0.2	7.3	
Klebsiella spp.	0 - 0.1	1.6	
Proteus mirabilis	0 - 0.1	0.2	
Staphylococcus saprophyticus	0 - 0.1	0.0	NR
Pseudomonas aeruginosa	0 - 0.1	0.0	NR
Enterobacter spp.	0 - 0.1	0.6	
Abbondanza complessiva	**0 - 0.3**	**9.7**	

Il **microbiota urinario analizzato** mostra una condizione di **disbiosi**.

L'origine e l'assetto ecologico risultano coerenti con l'urotipo individuato. Tuttavia, è stata rilevata la presenza di **batteri potenzialmente patogeni** in abbondanza superiore ai rispettivi valori di riferimento.