



ID PAZIENTE	ID CAMPIONE	RACCOLTA	ANALISI	MATRICE	TARGET
P2359	C2749	2026-02-11	2026-02-18	Feci	16S V1-V9

Analisi del microbiota intestinale

SOGGETTO · DATI ANAGRAFICI

COGNOME	C
NOME	S
SESSO	Femmina
ETA '	47 anni
IMC	25.39 kg/m ² · sovrappeso lieve
DOCUMENTO	
DIETA	Non strutturata
COMPOSIZIONE	Grasso corporeo elevato

MOTIVO DEL TEST · ANAMNESI

OBIETTIVO 1	Funzionalità gastrointestinale
OBIETTIVO 2	Salute metabolica
OBIETTIVO 3	Riduzione infiammazione
OBIETTIVO 4	Stato mentale
ATTIVITA' FISICA	Nessuna
ASSUNZIONE ACQUA	Bassa
FATTORI NASCITA	Parto vaginale · allattamento al seno
INTEGRAZIONE	Integratori generici

◆ CONDIZIONI CLINICHE RIFERITE

● QUADRO MULTIFATTORIALE

GI Gonfiore, sforzo evacuativo, evacuazione incompleta	NEU Depressione, ansia, stress	END Estradiolo molto basso
MET Grasso corporeo elevato	GI+ Stitichezza cronica	NEU+ Stanchezza mentale

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni **V1-V9** dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma **Oxford Nanopore Technologies**. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalità informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



Principali scostamenti rilevati rispetto al gruppo di controllo

- | | | |
|----|---------|---|
| 01 | NORMALE | Alpha diversity nella norma (Simpson 0.87 vs 0.88 controllo), a fronte di una composizione fortemente alterata. |
| 02 | ALTO | Rapporto F/B marcatamente elevato (29.51 vs 1.53 controllo): eccesso relativo , determinato dalla forte riduzione di <i>Bacteroidetes</i> (0.33 vs min 11.02) e non da un aumento di <i>Firmicutes</i> , a sua volta sotto range (9.83 vs min 24.90). |
| 03 | ALTO | Actinobacteria 53.96% (vs max 4.85%); Akkermansia 16.50% , Bifidobacterium longum 5.38% . |
| 04 | BASSO | Deficit di produttori di butirrato (2.36 vs min 3.38) con <i>Faecalibacterium</i> molto ridotto (0.14 vs min 1.72). |
| 05 | ALTO | Dominanza di GABA-producer (78.20 vs max 24.38) e metanogeni (18.14 vs max 6.24). |
| 06 | BASSO | Equilibrio mucosale critico (MBI 0.002 vs range 0.099–0.362): predominanza di degradatori di mucina. |

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni V1-V9 dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma Oxford Nanopore Technologies. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



I.

SEZIONE 1 · ALPHA DIVERSITY

Biodiversita' del microbiota — Indice di Simpson

● ENTRO RANGE

La **diversita' microbica** descrive il numero di specie presenti e la loro distribuzione nell'intestino. Una sua riduzione e' associata a *disbiosi*; tende fisiologicamente a diminuire con l'invecchiamento. Un aumento e' generalmente associato a buona salute intestinale.

PAZIENTE · SIMPSON
INDEX

0.87

Simpson diversity index

Range di riferimento: 0.80 —
1.00

Paziente

VALORE MISURATO

0.87

Gruppo di controllo

MEDIA · F · 40-55 AA · AREA IT

0.88

Delta vs controllo

DIFFERENZA ASSOLUTA

-0.01

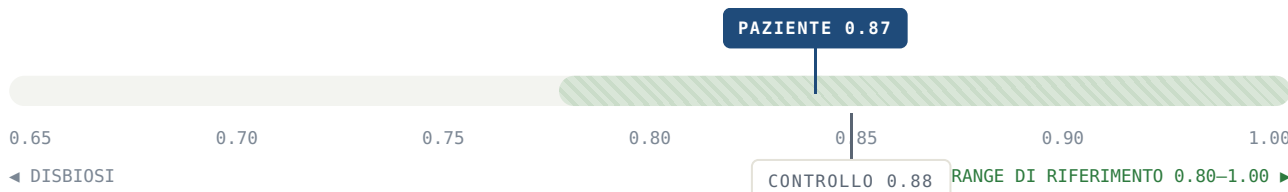
Stato

CLASSIFICAZIONE SUL RANGE

Normale

◆ DISTRIBUZIONE SULLA SCALA DI RIFERIMENTO

MIN 0.65 — MAX 1.00



● INTERPRETAZIONE FUNZIONALE

Indice di Simpson nell'intervallo di riferimento

L'indice di Simpson (**0.87**) e' sostanzialmente **sovrapponibile** alla media del gruppo di controllo (**0.88**) e rientra nell'intervallo di riferimento. Un indice entro questo intervallo e' generalmente associato a regolazione immunitaria, digestione e produzione di SCFA.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni **V1-V9** dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma **Oxford Nanopore Technologies**. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



II.

SEZIONE 2 · PHYLA COMPOSITION

Variazione dei principali phyla batterici

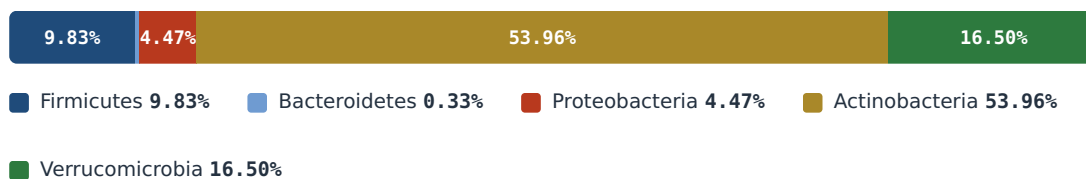
● DISBIOSI COMPOSIZIONALE

Firmicutes, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Proteobacteria* e *Verrucomicrobia* costituiscono le fondamenta dell'ecosistema intestinale; sono coinvolti in funzioni metaboliche e immunologiche. Uno squilibrio cronico può causare variazioni fisiologiche con implicazioni intestinali ed extra-intestinali.

PHYLUM	MIN CTRL	MAX CTRL	CAMPIONE	STATO
Firmicutes	24.897	50.819	9.832	↓ BASSO
Bacteroidetes	11.018	37.869	0.333	↓↓ MOLTO BASSO
Proteobacteria	0.233	0.968	4.471	↑ ALTO
Actinobacteria	1.193	4.849	53.963	↑↑↑ MOLTO ALTO
Verrucomicrobia	0.002	0.536	16.498	↑↑ MOLTO ALTO

◆ COMPOSIZIONE RELATIVA — CAMPIONE PAZIENTE

totale 85.10% · altri phyla non rappresentati 14.90%



● PHYLA DI INTERESSE

Disbiosi composizionale con pattern multipli concomitanti

Il profilo mostra **marcata diminuzione** di *Firmicutes* e *Bacteroidetes* con **aumenti** di *Actinobacteria*, *Verrucomicrobia* e *Proteobacteria* rispetto al range di controllo. *Actinobacteria* e *Verrucomicrobia* comprendono taxa ad attività mucinolitica.



Rapporto Firmicutes / Bacteroidetes (F/B)

§ 2.1

PAZIENTE · RAPPORTO F/B

29.51

Firmicutes / Bacteroidetes

Atteso adulti sani: > 1.0

Paziente **29.51**
RAPPORTO F/B MISURATO

Gruppo di controllo · media **1.53**
RIFERIMENTO

Delta **× 19.3**
MULTIPLICATORE RISPETTO AL CONTROLLO

Stato **Alterato ↑↑**
CLASSIFICAZIONE SUL RIFERIMENTO

● RAPPORTO F/B

F/B elevatissimo (×19) — eccesso relativo da carenza di Bacteroidetes

Negli adulti sani il rapporto F/B e' generalmente > 1. Il valore rilevato (**29.51**) e' un **eccesso relativo**: deriva dalla forte riduzione di *Bacteroidetes* (0.33% vs 11.02–37.87% di controllo), non da un aumento di *Firmicutes*, che risulta a sua volta sotto il range (9.83% vs 24.90–50.82%). La lettura del rapporto va quindi riferita al denominatore (carenza di *Bacteroidetes*).

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni **V1–V9** dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma **Oxford Nanopore Technologies**. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



III.

SEZIONE 3 · FAMILY-LEVEL ANALYSIS

Famiglie batteriche di interesse

FAMIGLIE FUORI RANGE

Alcune famiglie sono associate a effetti benefici (produzione di vitamine, metabolismo delle fibre); altre a infiammazione e malattie croniche.

FAMIGLIA	MIN CTRL	MAX CTRL	CAMPIONE	STATO
Oscillospiraceae	6.120	9.598	1.172	↓ BASSO
Veillonellaceae	0.010	0.151	0.000	↓ NON RILEVATO

Oscillospiraceae

Campione 1.172%

Ctrl: 6.12–9.60%

Diminuzione marcata. Membri prevalenti del microbiota umano, associati a indicatori di salute (ricchezza microbica, magrezza) e a effetti anti-infiammatori. *Oscillospira* puo' fermentare carboidrati vegetali complessi.

IV.

SEZIONE 4 · GENUS-LEVEL ANALYSIS

Generi pro- e anti-infiammatori

GENERI FUORI RANGE

Generi pro-infiammatori – valori fuori range

§ 4.1

GENERE	MIN CTRL	MAX CTRL	CAMPIONE	STATO
Alistipes	0.430	1.826	0.174	↓ BASSO
Collinsella	0.190	0.911	7.742	↑↑ MOLTO ALTO
Desulfovibrio	0.000	0.006	0.036	↑ ALTO
Dorea	0.483	1.890	0.140	↓ BASSO
Escherichia	0.018	0.251	1.341	↑ ALTO

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni V1-V9 dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma Oxford Nanopore Technologies. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



Generi anti-infiammatori — valori fuori range

§ 4.2

GENERE	MIN CTRL	MAX CTRL	CAMPIONE	STATO
Akkermansia	0.001	0.526	16.497	↑↑↑ MOLTO ALTO
Anaerostipes	0.262	1.549	0.036	↓ BASSO
Bifidobacterium	0.401	1.985	40.859	↑↑↑ MOLTO ALTO
Blautia	2.000	6.323	0.426	↓ BASSO
Coprococcus	0.539	2.746	0.060	↓↓ MOLTO BASSO
Faecalibacterium	1.719	3.511	0.137	↓↓ MOLTO BASSO
Parabacteroides	0.188	1.411	0.027	↓ BASSO
Roseburia	0.384	0.974	0.036	↓ BASSO
Ruminococcus	0.371	1.353	0.047	↓ BASSO

Faecalibacterium

Campione 0.137%
Ctrl: 1.72–3.51%

Riduzione marcata. Principale produttore intestinale di **butirrato**, rilevante per la fisiologia della mucosa intestinale.

Akkermansia

Campione 16.497%
Ctrl: 0.001–0.526%

Aumento marcato. *Akkermansia muciniphila* e' degradatore di mucina: generalmente associata a salute metabolica, ma un aumento eccessivo in disbiosi puo' contribuire all'assottigliamento dello strato mucoso.

● ESCHERICHIA – FINDING

Aumento di Escherichia

Escherichia (famiglia Enterobacteriaceae) presenta **LPS** (lipopolisaccaride) sulla membrana esterna. Il valore rilevato e' superiore al range di riferimento.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni **V1–V9** dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma **Oxford Nanopore Technologies**. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



V.

SEZIONE 5 · SPECIES-LEVEL ANALYSIS

Taxa probiotici, opportunistici e patogeni

● SEGNALI MISTI

Taxa probiotici — effetto benefico documentato

§ 5.1

SPECIE	MIN CTRL	MAX CTRL	CAMPIONE	STATO
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.000	0.003	0.081	↑ ALTO
<i>Bifidobacterium longum</i>	0.060	0.459	5.378	↑↑ MOLTO ALTO
<i>B. longum subsp. infantis</i>	0.000	0.002	0.091	↑ ALTO
<i>Lacticaseibacillus paracasei</i>	0.000	0.004	0.003	RANGE
<i>Lactobacillus crispatus</i>	0.000	0.010	0.009	RANGE

Taxa opportunistici — potenziale patogeno condizionato

§ 5.2

SPECIE	MIN CTRL	MAX CTRL	CAMPIONE	STATO
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.177	0.861	7.259	↑↑ MOLTO ALTO
<i>Eggerthella lenta</i>	0.005	0.084	0.286	↑ ALTO
<i>Enterococcus faecium</i>	0.001	0.015	0.039	↑ ALTO
<i>Escherichia coli</i>	0.015	0.241	1.113	↑ ALTO
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	0.127	3.421	0.011	↓ BASSO

Taxa a potenziale patogeno

§ 5.3

SPECIE	MIN CTRL	MAX CTRL	CAMPIONE	STATO
<i>Campylobacter coli</i>	0.000	0.000	0.001	↑ RILEVATO
<i>Campylobacter jejuni</i>	0.000	0.000	0.000	N.R.
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	0.000	0.000	0.000	N.R.
<i>Listeria monocytogenes</i>	0.000	0.000	0.000	N.R.
<i>Salmonella enterica</i>	0.000	0.000	0.000	N.R.
<i>Staphylococcus aureus</i>	0.000	0.000	0.000	N.R.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA è stato estratto dal campione fecale; le regioni V1-V9 dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma Oxford Nanopore Technologies. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalità informative e non implicano diagnosi. L'analisi è eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



• PATOGENI — ESITO SCREENING

6

ANALIZZATI

5

NON RILEVATI

1

RILEVATO A SOGLIA

Campylobacter coli 0.001% (livello-soglia). In Europa *Campylobacter* e' l'enteropatogeno batterico piu' comunemente segnalato; gli altri taxa analizzati risultano **non rilevati**.

VI.

SEZIONE 6 · STRUCTURAL RATIOS

Rapporto Gram-positivi / Gram-negativi

• ENTRO RANGE

Rapporto Gram+ / Gram-

Ctrl: 0.875 — 4.425 · Campione: 2.955



Il rapporto rientra nell'intervallo di riferimento: *Gram+* e *Gram-* risultano in proporzione equilibrata.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni **V1-V9** dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma **Oxford Nanopore Technologies**. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



VII.

SEZIONE 7 · SCFA

Acidi grassi a catena corta

● SCFA FUORI RANGE

Gli **acidi grassi a catena corta** (SCFA) butirrato, propionato e acetato sono metaboliti microbici la cui disponibilità nell'intestino è determinata da fattori ambientali, in primis dieta e uso di antibiotici.

Produttori di butirrato

SCFA · BARRIERA
INTESTINALE

2.364

Ctrl: 3.376 – 9.257

Presenza ridotta. Il butirrato è la principale fonte energetica delle cellule coliche e contribuisce all'integrità della barriera intestinale.

Produttori di propionato

SCFA · METABOLISMO

18.849

Ctrl: 6.434 – 22.733

Produzione equilibrata. Il propionato è coinvolto nel metabolismo energetico e nella regolazione dell'appetito.

Produttori di acetato

SCFA · PREDOMINANTE

62.883

Ctrl: 10.334 – 20.374

Elevato. L'acetato è precursore di altri SCFA e contribuisce al metabolismo lipidico.

● SCFA — BILANCIO

Acetato elevato e butirrato ridotto rispetto al range

Il profilo SCFA mostra **acetato** sopra il range di riferimento e **butirrato** al di sotto del range di riferimento.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA è stato estratto dal campione fecale; le regioni V1-V9 dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma Oxford Nanopore Technologies. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalità informative e non implicano diagnosi. L'analisi è eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



VIII.

SEZIONE 8 · FUNCTIONAL MARKERS

Vitamine, neurotrasmettitori, metaboliti, barriera

● MARCATORI FUORI RANGE

Vitamine del gruppo B — sintesi microbica

§ 8.1

Cobalamina (B12)

VITAMINA ESSENZIALE

0.001

Ctrl: 0.052 — 0.814

Presenza bassa/non rilevata.
Essenziale per formazione di
globuli rossi, funzione del
sistema nervoso e sintesi del
DNA.

Folato (B9)

VITAMINA ESSENZIALE

17.823

Ctrl: 0.428 — 2.113

Presenza aumentata. Maggiore
supporto microbico alla
disponibilit  di folati
nell'intestino.

Biotina (B7)

VITAMINA ESSENZIALE

0.001

Ctrl: 0.109 — 0.799

Presenza bassa/non rilevata.
Importante per metabolismo
energetico e degradazione di
carboidrati, grassi e proteine.

Attivit  metabolica — succinato, lattato, istamina, metanogeni

§ 8.2

Succinato

METABOLITA

17.577

Ctrl: 7.098 — 21.017

Produzione in linea col gruppo di
controllo.

Lattato

METABOLITA

6.504

Ctrl: 0.167 — 0.836

Aumentato rispetto al range di
riferimento.

Metanogeni

GAS INTESTINALE

18.141

Ctrl: 1.456 — 6.238

Aumentato. Maggiore
produzione di metano e uso
intensivo dell'idrogeno.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA   stato estratto dal campione fecale; le regioni **V1-V9** dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma **Oxford Nanopore Technologies**. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalit  informative e non implicano diagnosi. L'analisi   eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



Neurotrasmettitori — sintesi microbica

§ 8.3

Serotonina

NEUROTRASMETTITORE

2.864

Ctrl: 2.704 — 10.394

Produzione al limite inferiore del range di riferimento.

GABA

NEUROTRASMETTITORE

78.195

Ctrl: 11.082 — 24.379

Marcatamente aumentata rispetto al range. Il GABA e' il principale neurotrasmettitore inibitorio.

Barriera · antiossidanti · ormoni

§ 8.4

Tolleranza sali biliari

METABOLISMO BILIARE

53.606

Ctrl: 1.156 — 4.225

Molto elevata. Proporzione aumentata di microrganismi adattati ad ambienti ricchi di bile.

H₂S — Solfuro

GAS INTESTINALE

1.171

Ctrl: 0.179 — 1.100

Lievemente elevato rispetto al range. L'H₂S e' un gas intestinale prodotto dal microbiota.

Produttori di lattasi

DIGESTIONE LATTOSIO

9.932

Ctrl: 0.223 — 1.313

Aumentata. Maggiore capacita' microbica di supportare la digestione del lattosio.

Equilibrio Mucosale (MBI)

BARRIERA INTESTINALE

0.002

Ctrl: 0.099 — 0.362

Al di sotto del range di riferimento. Indice associato alla predominanza relativa di batteri mucinolitici.

Glutazione (GI)

ANTIOSSIDANTE

1.385

Ctrl: 0.149 — 0.577

Aumentato. Maggiore potenziale microbico di supporto alle difese antiossidanti.

Produttori di TMA

METABOLITA MICROBICO

2.899

Ctrl: 1.072 — 3.959

Capacita' tipica di produzione di TMA dai substrati dietetici.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni **V1-V9** dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma **Oxford Nanopore Technologies**. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



IX.

SEZIONE 9 · RAW DATA

Top species — abbondanza relativa

• DATO GREZZO

Le 15 specie piu' abbondanti del microbiota rilevato, in ordine decrescente di abbondanza relativa.

PHYLUM	FAMIGLIA	SPECIE	ABBONDANZA %
Actinomycetota	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	17.821
Verrucomicrobiota	Akkermansiaceae	<i>Akkermansia muciniphila</i>	16.363
Actinomycetota	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella aerofaciens</i>	7.259
Actinomycetota	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium longum</i>	5.378
Actinomycetota	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium bifidum</i>	3.403
Bacillota	Lachnospiraceae	<i>[Ruminococcus] torques</i>	2.123
Methanobacteriota	Methanobacteriaceae	<i>Methanobrevibacter smithii</i>	1.549
Pseudomonadota	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia coli</i>	1.113
Actinomycetota	Atopobiaceae	<i>Parolsenella catena</i>	1.058
Actinomycetota	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	0.705
Actinomycetota	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	0.592
Actinomycetota	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella sp. i05-0019-G5</i>	0.319
Bacillota	Peptostreptococcaceae	<i>Romboutsia ilealis</i>	0.305
Bacillota	Oscillospiraceae	<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	0.299
Actinomycetota	Eggerthellaceae	<i>Eggerthella lenta</i>	0.286

FINE REFERTO · FM26777

Le informazioni contenute nel presente documento hanno finalita' informative e non costituiscono diagnosi. Per qualsiasi utilizzo in ambito clinico, discutere il referto con il medico curante o con il professionista di riferimento. C S · ID P2359 · Campione C2749 · Emissione 25.02.2026 · Laboratorio certificato ISO 9001:2015.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento 16S rRNA — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA e' stato estratto dal campione fecale; le regioni **V1-V9** dell'RNA ribosomiale 16S sono state amplificate mediante PCR e sequenziate su piattaforma **Oxford Nanopore Technologies**. Il test rileva DNA della specie menzionata, non la presenza del ceppo vivo. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa dei microrganismi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.