



## MG0001

Codice analisi:	Cognome e nome:	Data di nascita:	Sesso:	Analisi richiesta:
T1645542416385	MG0001	1989/06/22	Femmina	NEGEDIA Flora Gut

Tipologia campione biologico:	Data raccolta campione:	Data ricevimento campione:	Data report:
faeces	Sconosciuto	Sconosciuto	08/04/2022

## Benvenuti in NEGEDIA Flora Gut

NEGEDIA Flora Gut WGS è un test che si basa sull'analisi del microbiota intestinale di un individuo con lo scopo di identificare le specie batteriche e fungine presenti (microbiota), evidenziare eventuali disequilibri e correggerli attraverso lo stile di vita e, se necessario, l'assunzione di integratori alimentari specifici. Il test prevede il sequenziamento dell'intero genoma dei microrganismi che compongono il microbiota. Grazie a questo approccio è possibile analizzare in modo estremamente preciso tutte le specie presenti di batteri, funghi e virus (il viroma sarà disponibile a breve) oltre che la funzione dei geni degli stessi microrganismi. Per raggiungere questo obiettivo oltre ad un sequenziamento molto profondo, lo shotgun whole genome sequencing, l'algoritmo MICK utilizza strumenti di intelligenza artificiale per incrementare la sua sensibilità.

La composizione del microbiota di un individuo è unica e alcuni profili sono stati associati a condizioni di salute migliori. Un microbiota sano è caratterizzato da un'elevata variabilità di batteri e dalla stabilità nel tempo. L'analisi del microbiota può aiutare a promuovere un buono stato di salute e prevenire o affrontare patologie intestinali (per esempio diarrea ricorrente o colite) o sistemiche (obesità, sindrome metabolica, etc.).

### COME FUNZIONA?

Il risultato non ha valenza diagnostica ma rappresenta una fotografia della componente del microbiota intestinale al momento del campionamento. In base all'identificazione dei principali Phyla, generi e specie residenti viene identificato l'enterotipo di appartenenza del soggetto. Ogni enterotipo è correlato ad una alimentazione prevalente e rappresenta una indicazione della composizione di riferimento per il microbiota in analisi.

I valori trovati vengono confrontati con migliaia di microbiomi di soggetti sani e in questo modo è possibile valutare se particolari generi batterici siano in eccesso o in difetto rispetto alla media del database di controllo in modo da identificare e caratterizzare situazioni di disbiosi. L'algoritmo alla base di MICK utilizza anche le informazioni mediche e le abitudini dei soggetti per migliorare i risultati e i consigli associati allo stato del microbiota.

Il risultato viene completato da una sintesi delle informazioni ottenute e da una serie di consigli alimentari e raccomandazioni di probiotici e integratori alimentari da poter supplementare alla dieta. Tali indicazioni vanno valutate con un professionista qualificato, in base alla valutazione anamnestica complessiva del soggetto.



## Informazioni generali

Box evidenziati con il colore **verde** rappresentano un valore ottimale del microbioma. I Box in **rosso** mostrano un valore che si discosta sensibilmente dal valore ottimale mentre quelli in **arancione** mostrano un valore nella media della popolazione di riferimento.

Similarità



Alto

100.00%

La similarità mostra quanto il Microbioma analizzato sia simile a quello delle persone in buono stato di salute.

Diversità



Alto

3.48

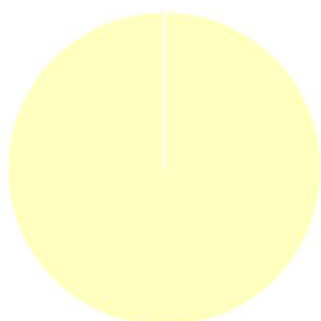
2.76

Un microbiota sano è ricco di specie diverse. Un'alta diversità è indice di buona salute del microbiota. Questo valore mostra la diversità dei batteri presenti nell'intestino al momento del campionamento.

Enterotipo

Bacteroides

Esistono tre diversi enterotipi di microbiota intestinale. I tre enterotipi contengono specie diverse di batteri con un diverso impatto sull'intestino. Ogni enterotipo è caratterizzato dalla prevalenza di batteri appartenenti ad uno specifico genere.



Fungi  
Bacteria  
Archaea



Other (<1.7%)  
Bacteroides ovatus  
unkn. Bacteroides(g)  
Bacteroides vulgatus  
Bacteroides stercoris  
Bacteroides thetaiotaomicron  
Clostridium sp.  
Bacteroides caccae  
Alistipes shahii  
Bacteroides uniformis  
Faecalibacterium prausnitzii  
Bacteroides sp.  
Alistipes putredinis  
Eubacterium sp.  
Bacteroides xylanisolvens

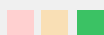
**Composizione del microbioma (specie).** Il grafico a torta illustra la classificazione tassonomica del campione a livello di specie. I dati presenti nel grafico e nella legenda sono ordinati in ordine decrescente: dai batteri presenti in maggior quantità a quelli presenti in quantità minore.



## ☰ Informazioni generali

Box evidenziati con il colore **verde** rappresentano un valore ottimale del microbioma. I Box in **rosso** mostrano un valore che si discosta sensibilmente dal valore ottimale mentre quelli in **arancione** mostrano un valore nella media della popolazione di riferimento.

Rapporto  
Gram+ / Gram-



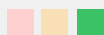
**Nella media**

0.31

0.32

Gram-positivo e gram-negativo sono gruppi di batteri che si distinguono per la composizione e la struttura della parete cellulare e della membrana. Le differenze tra i batteri gram+ e gram- si trovano nel loro involucro cellulare.

Rapporto  
Aerobici / Anaerobici



**Nella media**

0.00

0.00

I batteri aerobici, a differenza degli anaerobici, dipendono dall'ossigeno per sopravvivere. Esistono due tipi di batteri anaerobi: gli anaerobi obbligati, che non possono crescere in presenza di ossigeno, e gli anaerobi facoltativi, che possono crescere sia in presenza che in assenza di ossigeno.

Rapporto  
Firmicutes/Bacteroidetes

0.45

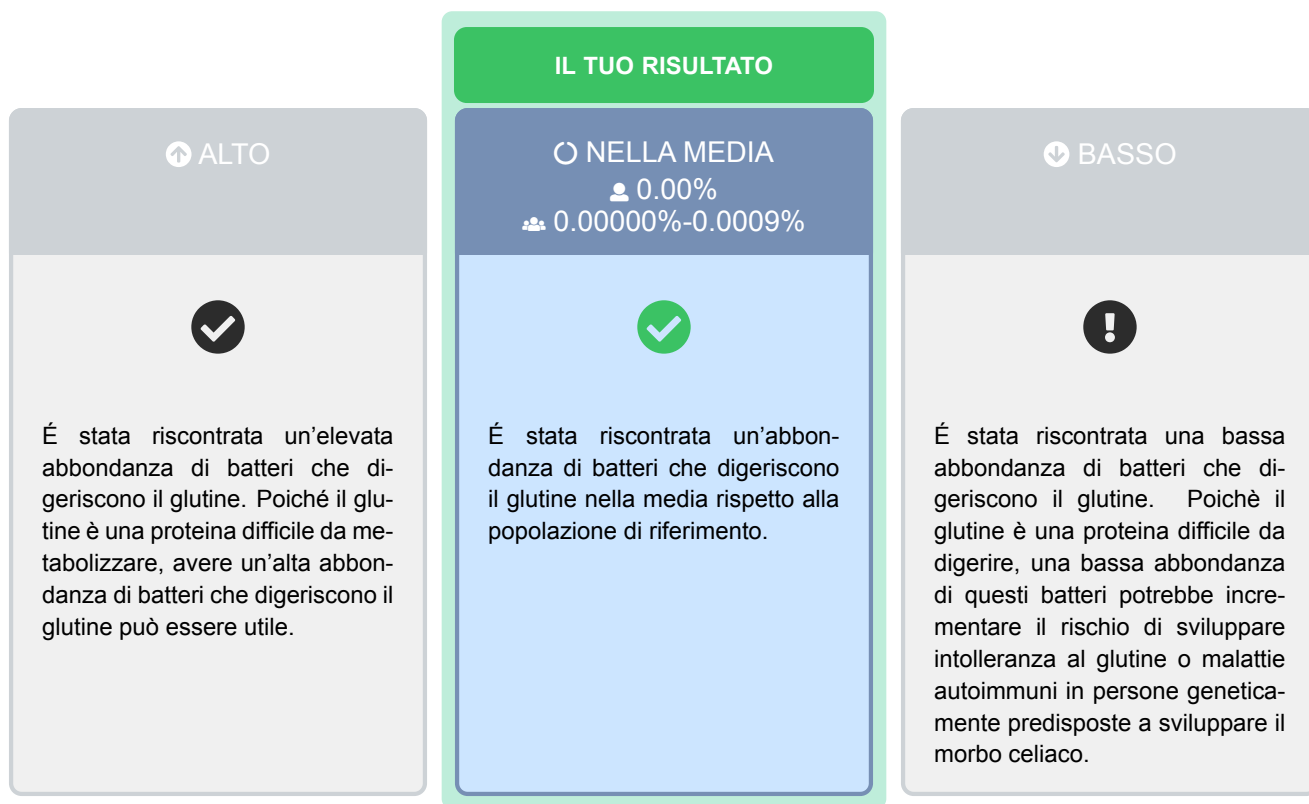
Firmicutes e Bacteroidetes sono due phyla dominanti nel microbiota fecale, che rappresentano fino al 90% del totale delle specie batteriche. Si ritiene che il rapporto Firmicutes e Bacteroidetes (rapporto F/B) sia altamente correlato con alcune malattie, come l'obesità e il diabete.



## Informazioni alimentari

### BATTERI CHE DEGRADANO IL GLUTINE

Il glutine è una proteina introdotta con l'alimentazione le cui caratteristiche la rendono difficile da metabolizzare. Diversi studi dimostrano che esistono varie tipologie di batteri che sono in grado di contribuire alla digestione del glutine.

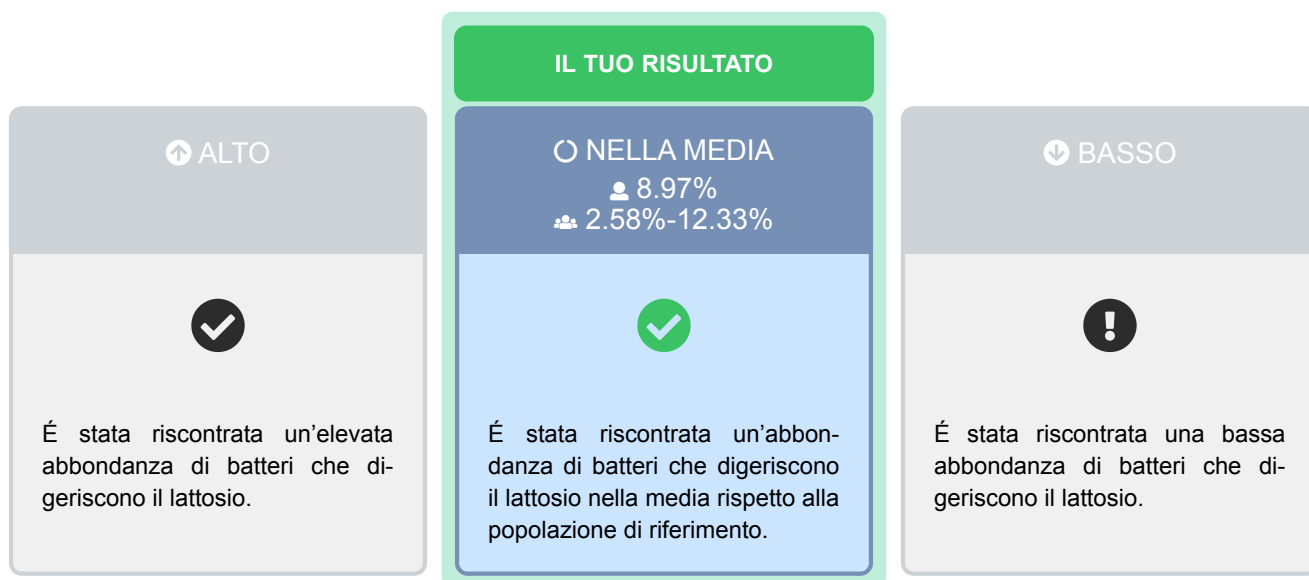




Informazioni alimentari

## BATTERI CHE DIGERISCONO IL LATTOSIO

Il lattosio è uno zucchero comune presente nei prodotti lattiero-caseari. È stato dimostrato che l'intolleranza a questo zucchero ha basi genetiche. Nonostante ciò, esistono alcuni microorganismi dell'intestino capaci di degradarlo e di ridurre i sintomi legati alla sua cattiva digestione.



Bifidobacterium, Faecalibacterium, Lactobacillus, Roseburia



Informazioni alimentari

## BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA K

Le vitamine sono molecole importanti per la crescita e lo sviluppo del corpo umano. Nel caso della vitamina K ne esistono 2 forme attive: la vitamina K1 e la vitamina K2. La vitamina K1 è abbondante in alcuni ortaggi, mentre la vitamina K2 ha origine da alcuni microorganismi ed è presente in alimenti fermentati. La vitamina K gioca un ruolo benefico nella salute delle ossa e dei tessuti, oltre ad avere un ruolo importante nella coagulazione del sangue. Avere un'alta abbondanza di microorganismi produttori di vitamina K rispetto alla popolazione di riferimento è un parametro associato ad un buono stato di salute.

↑ ALTO

É stata riscontrata un'elevata abbondanza di batteri che producono vitamina K. La vitamina K aiuta il corpo a costruire ossa e tessuti sani, inoltre ha un ruolo positivo nella coagulazione del sangue.

○ NELLA MEDIA

É stata riscontrata un'abbondanza di batteri che producono vitamina K nella media rispetto alla popolazione di riferimento.

IL TUO RISULTATO

↓ BASSO

0.00%

0.0004%-0.01%

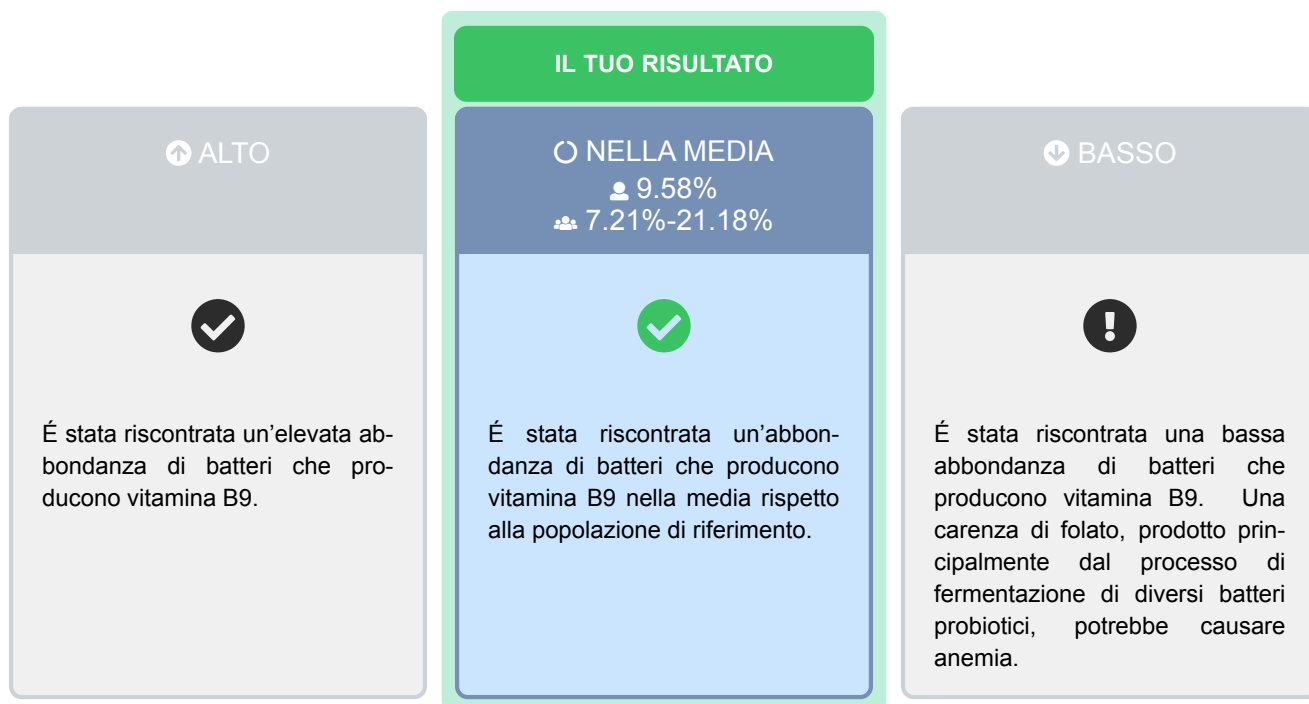
É stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina K.



Informazioni alimentari

## BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B9

La vitamina B9 -chiamata anche folato o acido folico- è una vitamina solubile in acqua e presente in abbondanza in alimenti di origine vegetale. Deve infatti il suo nome alla parola latina 'folium', ovvero 'foglia' come fonte primaria per la sua assunzione. Avere un'alta abbondanza di microorganismi produttori di folato rispetto alla popolazione di riferimento è un parametro associato ad un buono stato di salute.



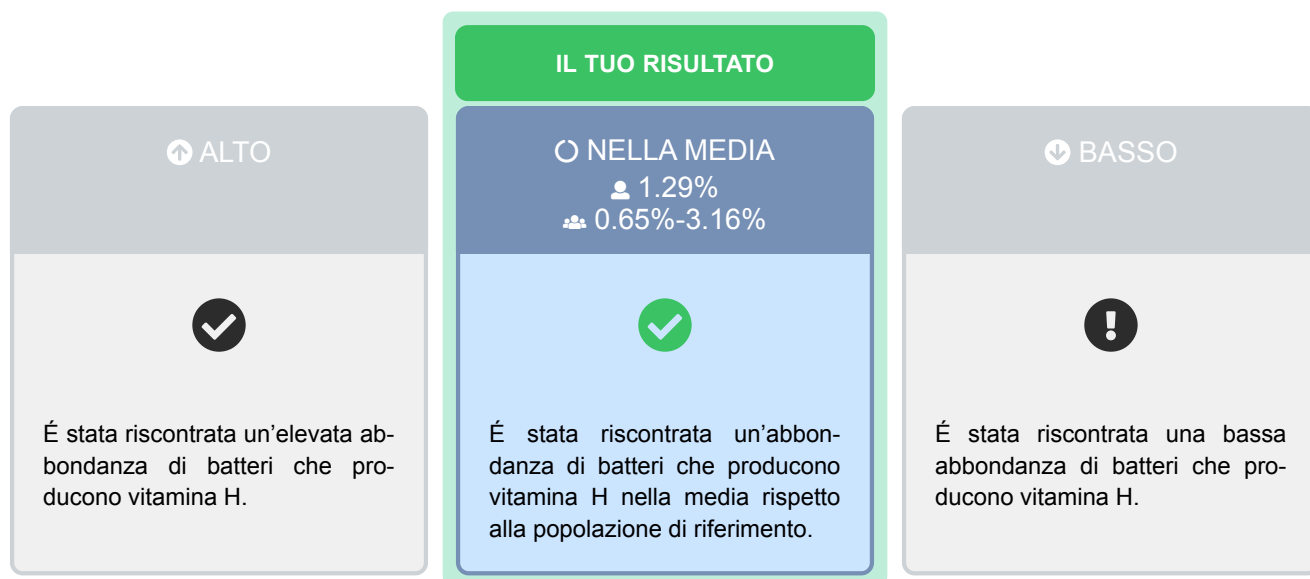
Anaerostipes caccae, Bacteroides cellulosilyticus, Bacteroides intestinalis, Bacteroides vulgatus, Blautia hydrogenotrophica, Parabacteroides distasonis, Parabacteroides johnsonii, Parabacteroides merdae



Informazioni alimentari

## BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA H

La vitamina H è una molecola solubile in acqua e alcol presente in alcuni alimenti come uova, latte, banana, sardine o funghi. Inoltre può anche essere sintetizzato nel microbioma intestinale delle specie Lactobacillus. Il suo ruolo di coenzima in alcune carbossilasi rende la vitamina H un fattore chiave per specifici passaggi del metabolismo ma anche per la regolazione genica attraverso l'epigenetica. La carenza di biotina potrebbe essere causata dall'alcolismo o da un elevato consumo di albume, che contengono alti livelli di avidina, una proteina che si lega strettamente alla biotina. La sua carenza può portare a sintomi come perdita di pigmento nei capelli e perdita di capelli, eruzioni cutanee rosse, depressione e altri sintomi.



Bacteroides fragilis, Campylobacter coli

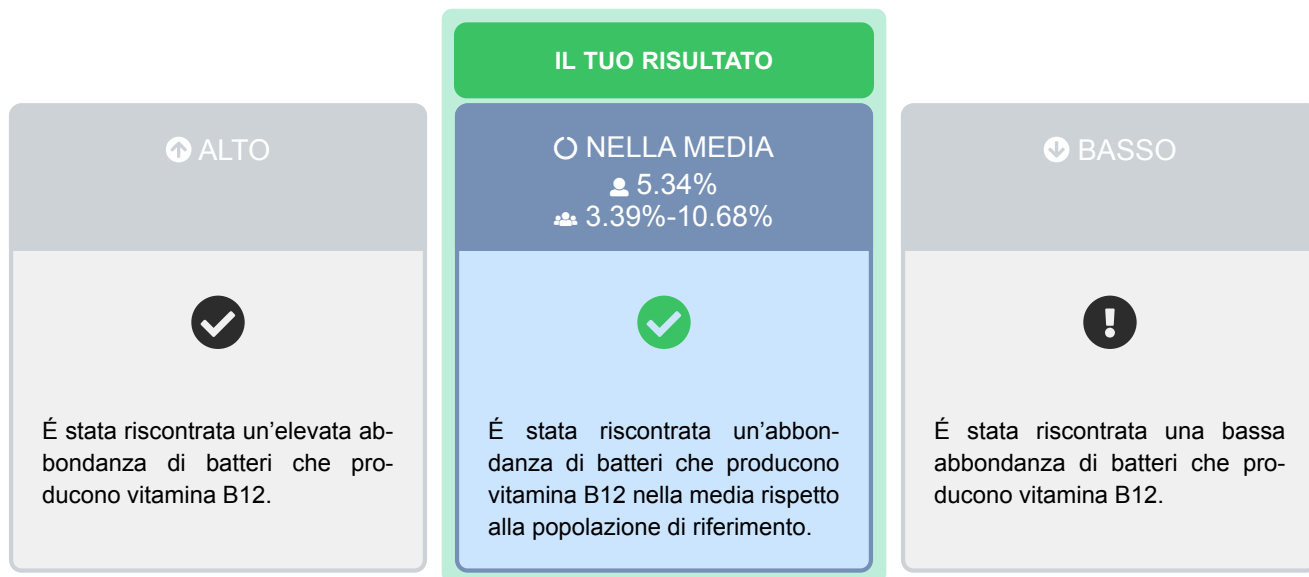




Informazioni alimentari

## BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B12

La vitamina B12 è presente principalmente negli alimenti animali come carne, pesce o latte. Tuttavia, è sintetizzato solo da alcuni batteri e archaea. Questa vitamina è una molecola idrosolubile con ruoli essenziali nella funzione del cervello e del sistema nervoso, nella formazione del sangue, nel metabolismo delle proteine, nella sintesi e nella regolazione del DNA. La carenza di vitamina B12 può causare sintomi come anemia, perdita di peso o alterazioni neurologiche come il morbo di Alzheimer, depressione o diminuzione delle capacità mentali. La forma artificiale di vitamina B12 utilizzata in alcuni integratori alimentari è chiamata cianocobalamina.



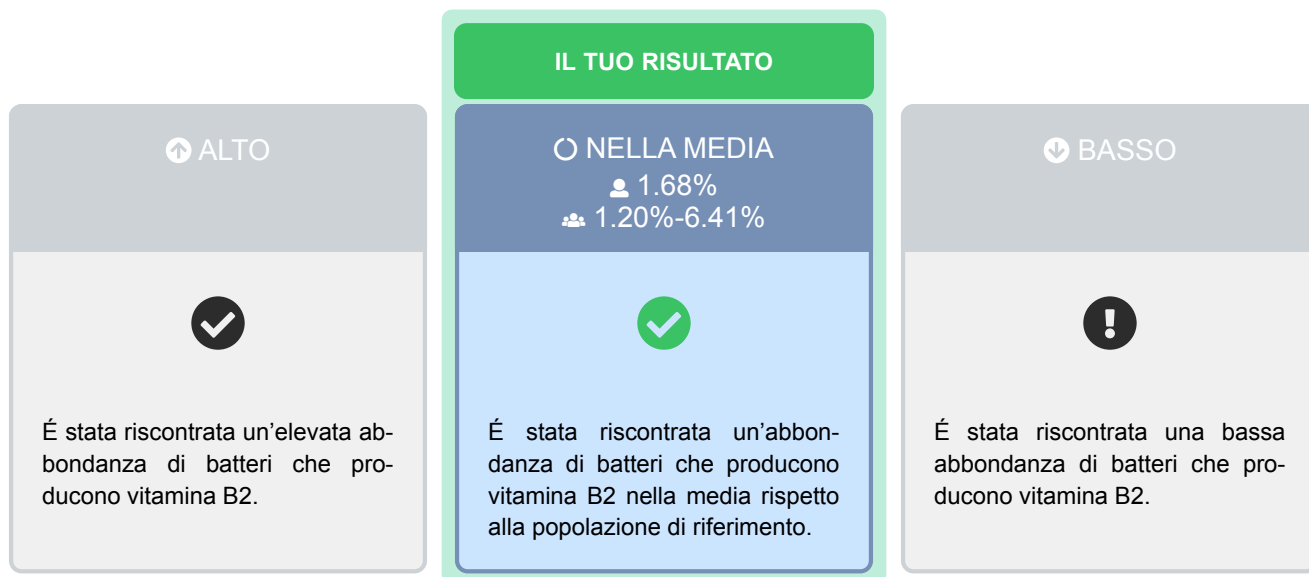
Bacteroides fragilis, Bifidobacterium animalis, Bifidobacterium longum, Faecalibacterium prausnitzii, Prevotella copri, Ruminococcus lactaris



Informazioni alimentari

## BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B2

La vitamina B2 deve essere consumata quotidianamente a causa della piccola quantità che il corpo umano immagazzina e della facilità di escrezione. È presente in alimenti come uova, carne e latte. È una molecola idrosolubile assorbita nell'intestino tenue e aiuta a convertire i carboidrati, gli amminoacidi e i lipidi in energia (ATP). La funzione antiossidante della vitamina B2 gioca un ruolo importante nella protezione degli occhi (soprattutto della cornea) e nella prevenzione dello stress ossidativo. Alcune malattie come l'ipotiroidismo potrebbero causare carenza di riboflavina. Inoltre, anche gli alcolisti o gli anoressici sono più inclini ad avere questa carenza. I sintomi principali sono infiammazioni della lingua e delle labbra, disturbi della pelle e anemia. La carenza di vitamina B2 è potenzialmente pericolosa per le donne in gravidanza perché può sfociare in eclampsia, una malattia che causa la morte materna e fetale.



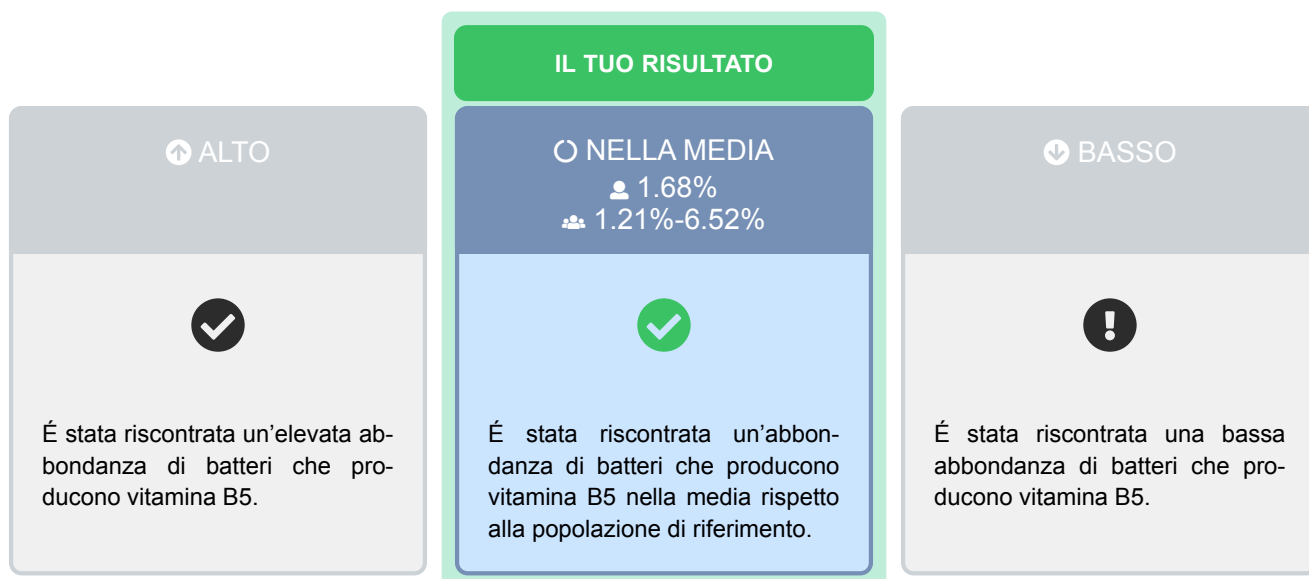
Bacteroides fragilis, Lactobacillus fermentum, Prevotella copri, Ruminococcus lactaris



Informazioni alimentari

## BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B5

La vitamina B5 fa parte del coenzima A (CoA), un cofattore coinvolto in una moltitudine di reazioni enzimatiche e principalmente correlato al metabolismo dei carboidrati, delle proteine e dei lipidi. È presente in diversi alimenti come fegato, reni, uova, pesce o latte. Aiuta a combattere la stanchezza e partecipa alla sintesi degli ormoni legati allo stress. La carenza di vitamina B5 provoca sintomi come mal di testa, intorpidimento, mal di stomaco o irritabilità, e uno dei suoi fattori scatenanti è il consumo eccessivo di alcol, che ne ostacola l'assorbimento. A causa del suo ruolo importante nella sintesi dei grassi, alcuni studi suggeriscono un'influenza positiva della vitamina B5 sul colesterolo e sui trigliceridi.



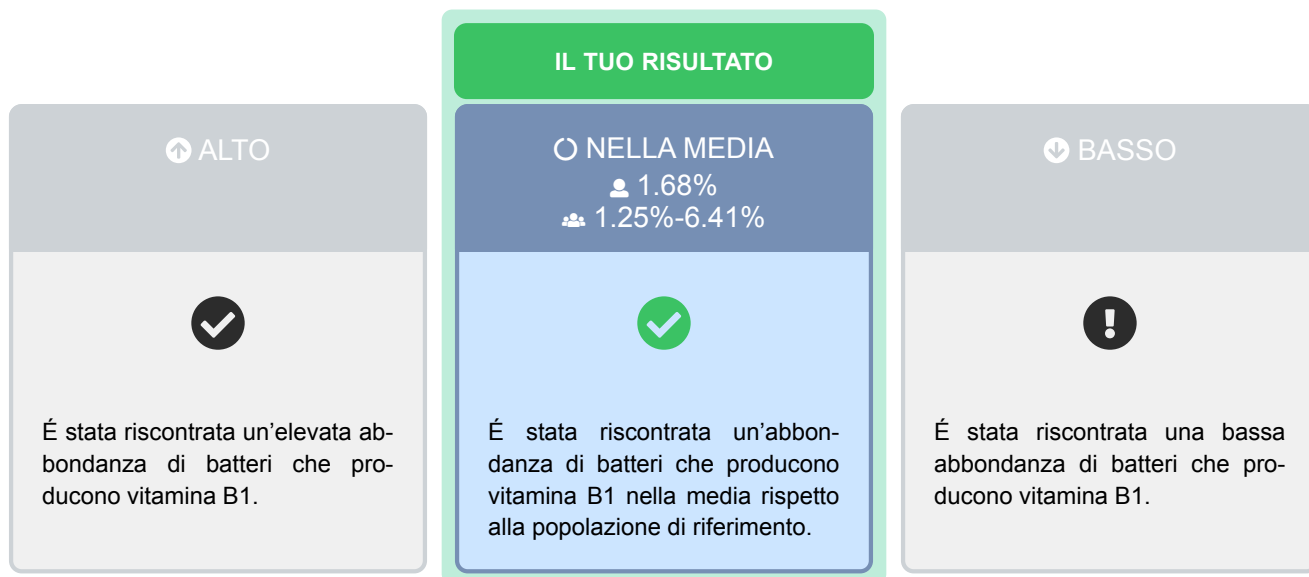
Bacteroides fragilis, Helicobacter pylori, Prevotella copri, Ruminococcus lactaris



Informazioni alimentari

## BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B1

La vitamina B1 è una vitamina idrosolubile che svolge un ruolo importante nel metabolismo del piruvato, nella conduttività del segnale nervoso e nella fornitura di energia. È principalmente derivato da fonti alimentari e assorbito in tutto l'intestino. Ci sono alcuni batteri che possono sintetizzare la tiamina nell'intestino dai precursori della tiamina pirofosfato (TPP) e del tiazolo, che è stato identificato nel caffè, nelle arachidi tostate, nel manzo o nel pollo cotto e nelle patate al forno. La carenza di vitamina B1 deriva da diete povere di vitamina e dall'alcolismo. Tutti i sintomi come gli effetti neurologici e la perdita di peso sono causati dall'influenza che la tiamina ha sul metabolismo del glucosio. La carenza di vitamina B1 causa anche il disturbo del beriberi, che si divide in due sottocategorie: 'umido', che ha un effetto sul sistema cardiovascolare, e 'secco', che è anche chiamato sindrome di Wernicke-Korsakoff e ha un effetto sul sistema nervoso sistema.



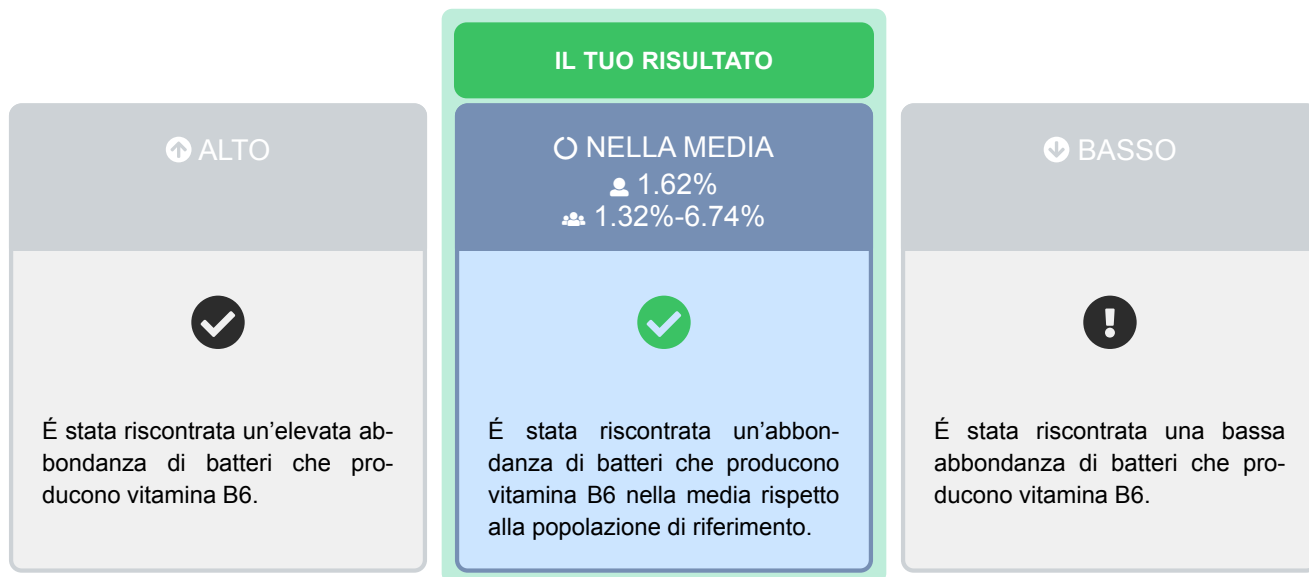
Bacteroides fragilis, Bifidobacterium bifidum, Prevotella copri, Ruminococcus lactaris



Informazioni alimentari

## BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B6

La vitamina B6 è una molecola idrosolubile che non siamo in grado di sintetizzare. Pertanto, deve essere assunto da fonti alimentari come pesce, in particolare salmone e tonno, legumi o carne. Alcuni gruppi di batteri possono anche sintetizzarlo nel nostro intestino. Un eccesso di vitamina B6 potrebbe causare mal di stomaco e alterazioni sensoriali. Al contrario, una carenza di vitamina B6 provoca danni vascolari, alla bocca (come ulcere) e infiammazione delle labbra. Inoltre, potrebbero esserci sintomi neurologici come irritabilità, depressione e confusione. Disturbi renali o epatici o alcolismo sono cause di carenza di vitamina B6.



Bacteroides fragilis, Bifidobacterium longum, Collinsella aerofaciens, Helicobacter pylori, Prevotella copri

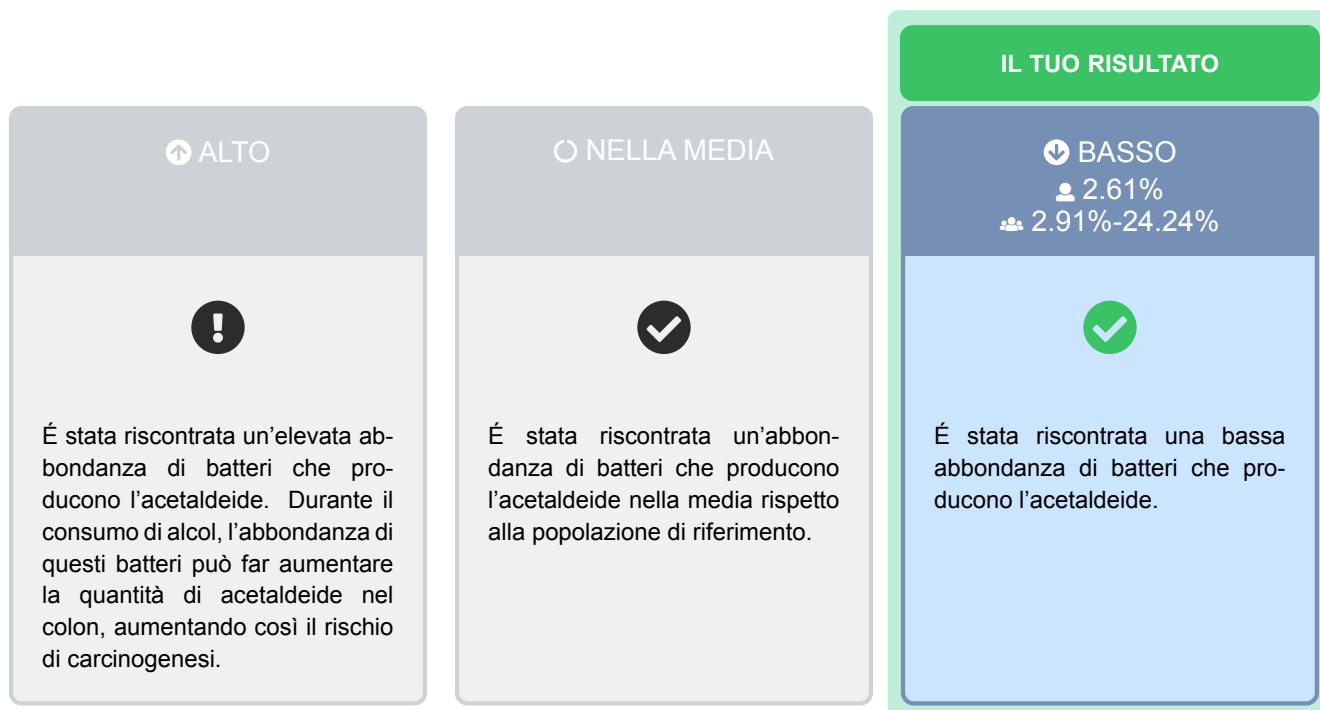


Informazioni alimentari

## CONSUMO DI ALCOL

Uno degli effetti negativi legati al consumo di bevande alcoliche è l'aumento della permeabilità della barriera intestinale, che provoca un' infiammazione locale e sistemica. Il metabolismo dell'alcol avviene principalmente a livello epatico. Tuttavia alcuni batteri hanno un ruolo importante sia nella produzione di acetaldeide, a partire dall'alcol, sia nella degradazione ed eliminazione dal nostro organismo di questo composto. Un bilanciamento tra queste due classi di batteri ha generalmente un effetto positivo sullo stato di salute complessivo.

### Batteri produttori di acetaldeide



Bifidobacterium, Collinsella, Prevotella, Ruminococcus



Informazioni alimentari

## Batteri che degradano l'acetaldeide



Bacteroides, Lactobacillus, Parabacteroides, Streptococcus



## Stato del peso

### BATTERI ASSOCIATI AL MANTENIMENTO DEL PESO

I batteri intestinali possono influenzare la tendenza di un soggetto ad essere in sovrappeso o normopeso. Esistono, infatti, alcuni batteri associati al corretto mantenimento del peso. Di solito, un arricchimento di questi batteri pari o superiore alla media della popolazione è benefico per la nostra salute.

↑ ALTO

✓

É stata riscontrata un'elevata abbondanza di batteri associati al mantenimento del peso. Sono pertanto presenti molti batteri associati a corporature normopeso.

○ NELLA MEDIA

✓

É stata riscontrata un'abbondanza di batteri associati al mantenimento del peso nella media rispetto alla popolazione di riferimento.

IL TUO RISULTATO

↓ BASSO

0.04%

0.08%-2.49%

!

É stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri associati al mantenimento del peso. Ovvero sono presenti meno batteri coinvolti nel mantenimento del peso ottimale.

Anaerotruncus colihominis, Butyrivibrio crossotus

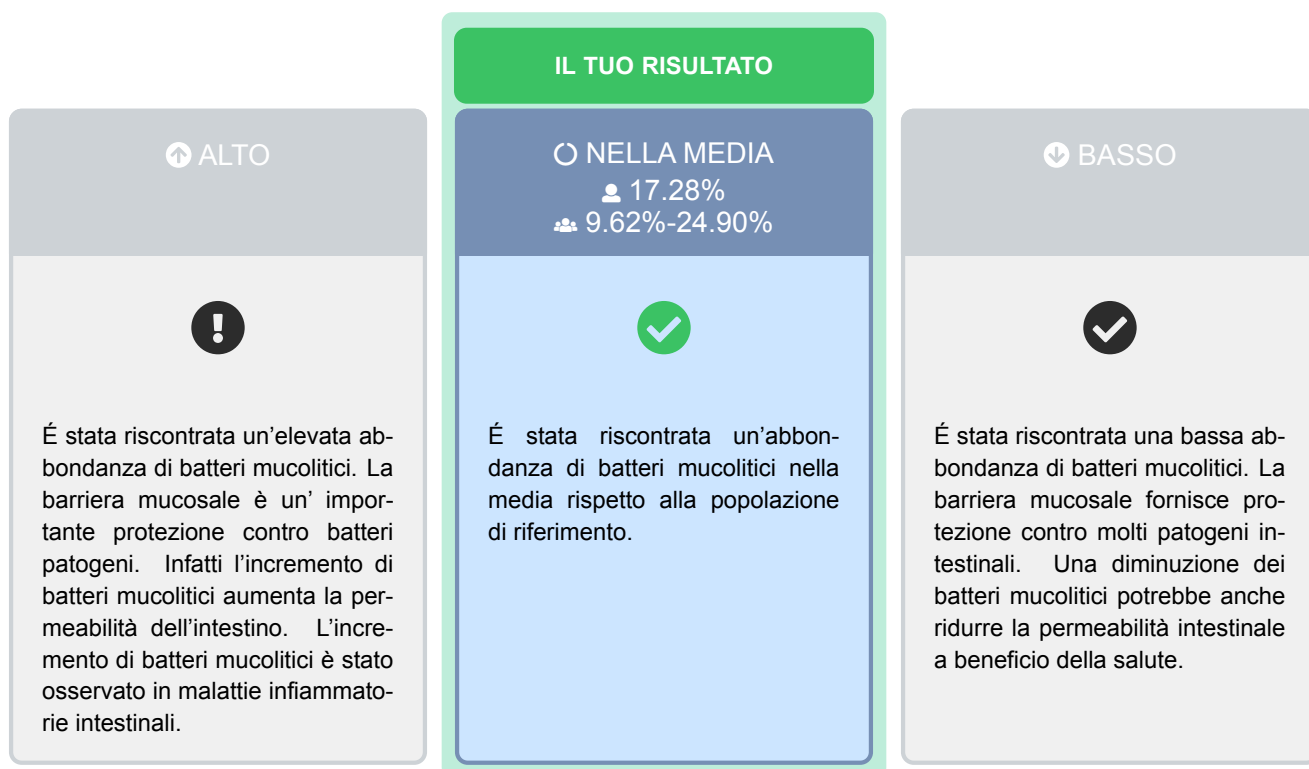




## Stato di salute

### PERMEABILITÀ INTESTINALE

L'intestino è la più grande interfaccia tra il nostro corpo e l'ambiente. Questa interfaccia è data dalla barriera intestinale che è essenziale per mantenere uno stato di salute sano. Questa barriera ha una costituzione mucosa e la sua alterazione disturba la permeabilità intestinale. Un'abbondanza complessiva dei batteri mucolitici uguale o inferiore alla popolazione di riferimento è generalmente benefica.

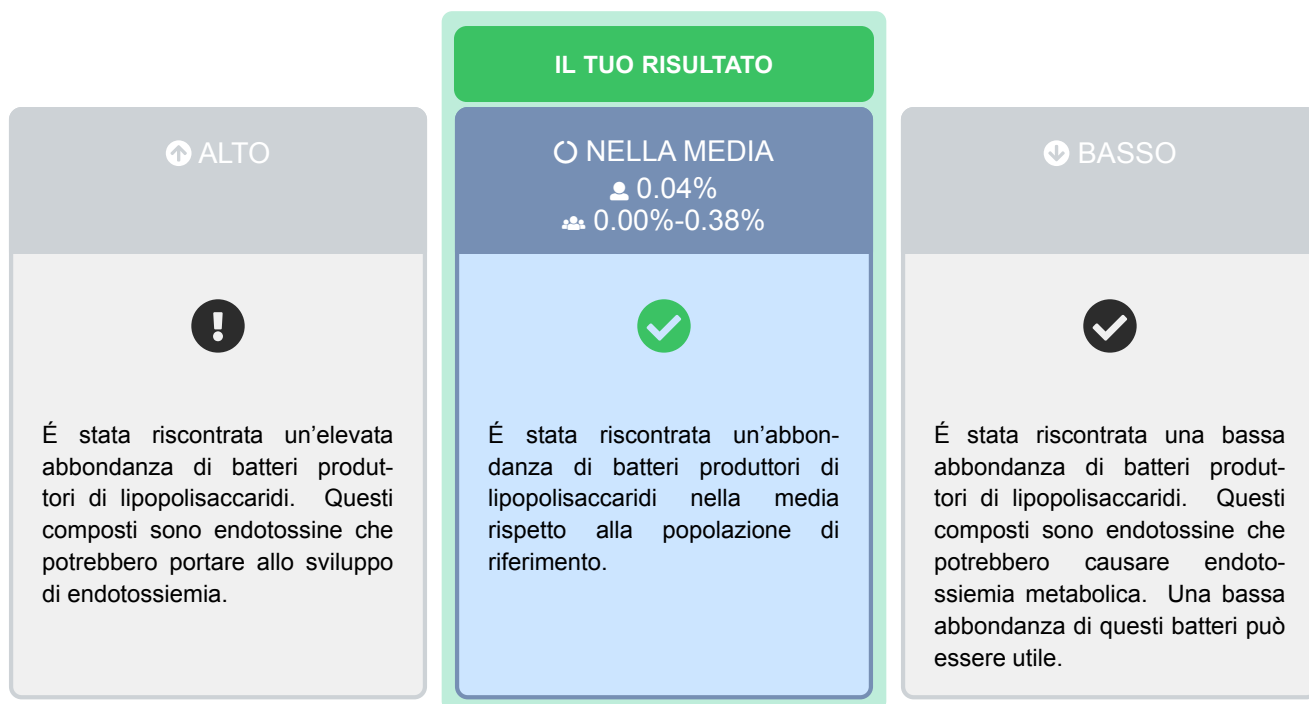


Bacteroides caccae, Bacteroides fragilis, Bacteroides thetaiotaomicron, Bacteroides vulgatus, Bifidobacterium bifidum, Bifidobacterium sp., Helicobacter pylori, Streptococcus anginosus, Streptococcus mitis, Streptococcus oralis



## PRODUTTORI DI LIPOPOLISACCARIDI (LPS)

I lipopolisaccaridi (LPS) sono molecole che si trovano comunemente nella membrana esterna dei batteri gram-negativi e sono correlati ad infiammazione intestinale. Un'abbondanza complessiva inferiore rispetto alla popolazione di riferimento è generalmente benefica.

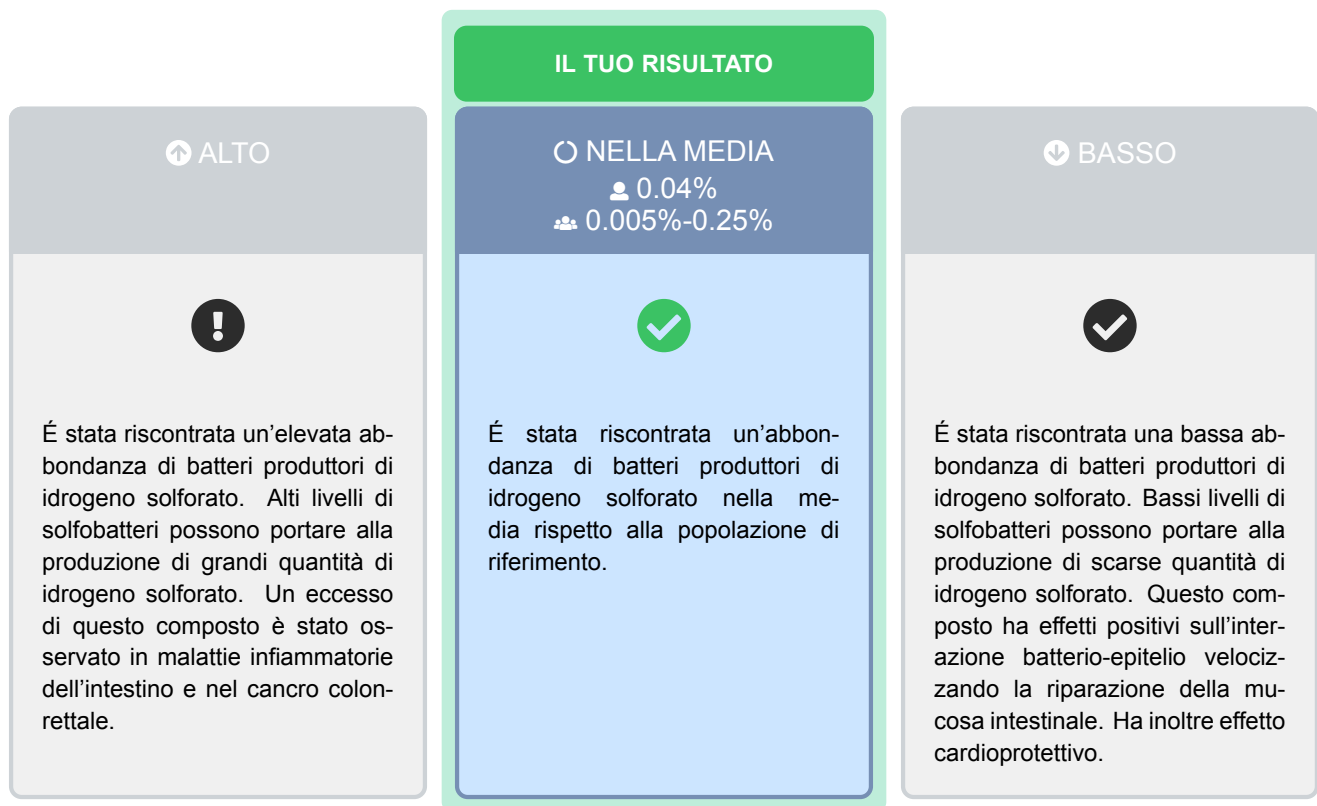


Escherichia



## PRODUTTORI DI IDROGENO SOLFORATO

L'idrogeno solforato è prodotto dai batteri che vivono nel nostro intestino e dalle cellule epiteliali. Questa sostanza ha un effetto regolatore benefico sul sistema cardio-circolatorio. Seguire una dieta ricca di solfati (ad es. cavolo, cipolla e funghi) permette di aumentare la quantità di idrogeno solforato prodotta dai batteri che metabolizzano questi composti. Un'abbondanza complessiva uguale o superiore rispetto alla popolazione di riferimento è generalmente benefica.



Desulfovibrio desulfuricans, Escherichia coli, Fusobacterium nucleatum



## PRODUTTORI DI ACIDI GRASSI A CATENA CORTA (SCFA)

### Produttori di butirrato

Il butirrato è la principale fonte di energia per le cellule del colon e aiuta a mantenere uno stato di ipossia nell'intestino. In questo senso, il butirrato è essenziale per mantenere lo stato sano del microbiota agendo sui batteri anaerobi obbligati.

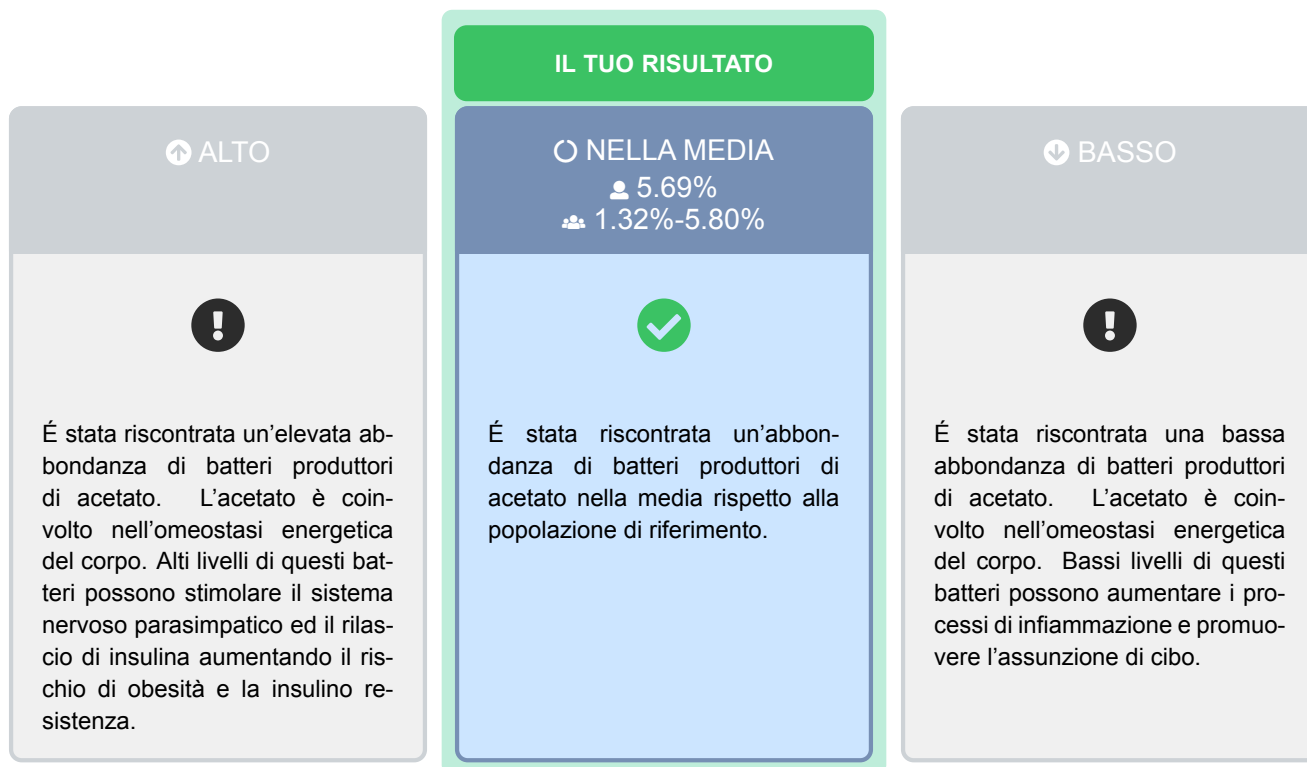


Butyrivibrio fibrisolvens, Fusobacterium nucleatum, Porphyromonas gingivalis, [Clostridium] symbiosum



## Produttori di acetato

L'acetato è in parte consumato da alcuni batteri luminali, che a loro volta ne convertono parte in butirrato. Tuttavia, la maggior parte dell'acetato sfugge ai batteri luminali e raggiunge i tessuti periferici che usano l'acetato per il loro metabolismo.



Anaerotignum propionicum, Bacteroides thetaiotaomicron, Bifidobacterium adolescentis, Bifidobacterium animalis, Bifidobacterium bifidum, Bifidobacterium longum, Chlamydia trachomatis, Clostridioides difficile, Clostridium cochlearium, Clostridium perfringens, Clostridium sporogenes, Desulfovibrio desulfuricans, Enterococcus faecalis, Escherichia coli, Fusobacterium nucleatum, Gottschalkia purinilytica, Porphyromonas gingivalis, Pseudomonas sp. K-62, Sphingomonas wittichii, Tannerella forsythia



## Produttori di propionato

Il propionato è coinvolto nella regolazione dei livelli di gluconeogenesi, lipogenesi e colesterolo.



Anaerotignum propionicum, Clostridium sporogenes, Cutibacterium acnes, Escherichia coli, Klebsiella oxytoca



## PROBIOTICI

I probiotici sono quei microrganismi viventi (*ad es. Batteri*) che, quando somministrati, hanno un effetto benefico sullo stato di salute. I probiotici agiscono a livello del tratto digestivo stabilizzando la composizione della flora batterica, aumentando la resistenza dell'organismo ai patogeni e migliorando e attivando le difese. I probiotici producono vitamine, enzimi digestivi e sostanze che aiutano a combattere alcuni batteri potenzialmente patogeni.



*Bifidobacterium adolescentis*, *Bifidobacterium animalis*, *Bifidobacterium bifidum*, *Bifidobacterium breve*, *Bifidobacterium longum*, *Bifidobacterium pseudocatenulatum*, *Lactobacillus fermentum*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Pediococcus pentosaceus*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Streptococcus thermophilus*



## BATTERI POTENZIALMENTE PATOGENI

I batteri potenzialmente patogeni possono essere presenti in modeste quantità nel microbiota intestinale di persone sane. In determinate condizioni possono prendere il sopravvento, proliferare e causare disturbi intestinali. In caso vengano riscontrati valori al di sopra della media di popolazione si consiglia di sottoporre l'analisi al clinico di riferimento ed eventualmente eseguire approfondimenti diagnostici. Ove indicato 'non rilevato' non si esclude che possa essere presente una quantità fisiologica dei batteri ricercati.

*Clostridioides difficile*

Nella media

0.06%

0.02%-0.07%

I ceppi patogeni di *Clostridioides difficile* hanno l'effetto di produrre svariate tossine. *Clostridioides* è un batterio che può causare sintomi che vanno dalla diarrea all'infiammazione potenzialmente letale del colon.

*Clostridium perfringens*

Alto

0.003%

0.0002%-0.002%

Alcuni ceppi di *Clostridium perfringens* producono una tossina che rilasciata all'interno dell'intestino può essere causa di malattia. *C. perfringens* è l'agente batterico più comune per la cancrena gassosa (morte dei tessuti). Alcuni sintomi includono vesciche, tachicardia, gonfiore e ittero.

*Enterococcus faecalis*

Nella media

0.0006%

0.0004%-0.01%

*Enterococcus faecalis* se prolifera in maniera incontrollata può evadere la sede intestinale e causare diverse infezioni tra cui batteriemia, infezioni addominali e pelviche, infezioni del tratto urinario, infezioni orali, in particolare con canali radicolari, setticemia o avvelenamento del sangue, infezioni delle ferite, endocardite o meningite. Le persone con sistema immunitario indebolito sono particolarmente a rischio.

*Klebsiella*

Nella media

0.0003%

0.00003%-0.08%

Le specie di *Klebsiella* si trovano abitualmente nel naso, nella bocca e nel tratto gastrointestinale umano come flora residente; tuttavia, possono anche comportarsi come patogeni opportunisti e causare stati patologici, in particolare polmonite, infezioni del tratto urinario, sepsi, meningite, diarrea e infezioni dei tessuti molli.





ISTITUTO DIAGNOSTICO  
**VARELLI**

NEGEDIA® Flora Gut  
eseguito in collaborazione con  
NEXT GENERATION DIAGNOSTIC Srl

Codice paziente: 6214faa9f5977d3adda01583

Nome paziente: MG0001

N/A

*Salmonella*  
Non rilevato

Le specie di *Salmonella* sono patogeni intracellulari facoltativi. Febbre tifoide, intossicazione alimentare, gastroenterite, febbre enterica e altre malattie sono tutti i tipi di infezione da *Salmonella*. L'avvelenamento da *Salmonella* è spesso legato ad acqua o alimenti contaminati, in particolare carne, pollame e uova. I sintomi includono crampi addominali, diarrea e vomito, che tendono ad apparire da 12 a 72 ore dopo l'infezione.



## Compendium

**⚠** È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina K. La vitamina K aiuta il tuo corpo a costruire ossa e tessuti sani, oltre ad avere un ruolo importante nella coagulazione.

**🛒** Si consiglia di aumentare il consumo di latticini fermentati come kefir, latticello, yogurt o formaggio non pastorizzato. Come alternativa vegana si possono prediligere prodotti a base di soia fermentata. Anche la carne fermentata, come i salumi, da consumare moderatamente, incrementa l'abbondanza di questi batteri.

**📄** doi: 10.5772/63117, 10.5772/63712

**⚠** È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri associati al mantenimento del peso. Ovvero sono presenti meno batteri coinvolti nel mantenimento del peso ottimale.

**🛒** Si consiglia di includere più fibre alimentari nella dieta, aumentare la quantità di cereali o di frutta e verdura. La fibra alimentare è un prebiotico che aumenta la quantità di batteri associati a tipologie di fisico più magre. Ad esempio, aumentare la quantità di cereali come grano, segale, avena, riso e orzo o aumentare la quantità di frutta e verdura, come carciofi, asparagi, banane, lattuga, cipolle, pesche, piselli e ortaggi a radice, può essere benefico. Il cioccolato nero e il tè verde possono essere un buon complemento alla dieta poiché entrambi comprendono diversi tipi di polifenoli.

**🔑** Supplementi contenenti inulina o oligofruttosio promuovono l'incremento di batteri coinvolti nel mantenimento del peso ottimale.

**🌀** Al fine di mantenere un peso equilibrato, si consigliano almeno 30 minuti di esercizio quotidiano moderato.

**📄** doi: 10.1073/pnas.1219451110, 10.1093/jn/129.7.1402S, 10.1186/s12967-017-1175-y, 10.1016/j.jclynex.2015.12.001

**⚠** È stata riscontrata una presenza di Clostridium perfringens superiore alla popolazione. Questo batterio può causare sintomi come crampi addominali, diarrea, vomito e febbre. In caso di sintomi, si raccomanda di contattare un professionista qualificato e di eseguire un eventuale approfondimento diagnostico.



ISTITUTO DIAGNOSTICO  
**VARELLI**

NEGEDIA® Flora Gut  
eseguito in collaborazione con  
NEXT GENERATION DIAGNOSTIC Srl

Codice paziente: 6214faa9f5977d3adda01583

Nome paziente: MG0001

N/A

## Limiti del test

NEGEDIA Flora Gut non ha finalità diagnostiche; il test consente di identificare la composizione della popolazione batterica intestinale (microbiota) e di correlarla con le principali funzioni fisiologiche dell'ospite. Il profilo individuato non esclude in modo assoluto la possibilità che alcuni batteri non siano stati rilevati. La metodica inoltre non consente di valutare la vitalità dei batteri identificati. Il risultato ottenuto rappresenta una fotografia della situazione al momento del campionamento e può variare in seguito a cambiamenti delle abitudini alimentari o all'assunzione di integratori o farmaci. I suggerimenti di carattere alimentare e le raccomandazioni di probiotici o integratori alimentari non rappresentano in alcun modo dei piani alimentari o terapeutici. Qualunque modifica dello stile di vita e della dieta o eventuali interventi farmacologici devono essere decisi in sede di visita medica specialistica e non possono prescindere da una corretta valutazione anamnestica dell'individuo e da eventuali ulteriori indagini.

---

**Firma** (nome e cognome)



### Tabella Tassonomica

DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Firmicutes	Acidaminococcus intestini	0.0009	0.0001 - 0.31	■
Bacteria	Firmicutes	Acidaminococcus sp.	0.0003	0.00000 - 0.004	■
Bacteria	Proteobacteria	Acinetobacter Iwoffii	0.0002	0.00005 - 0.002	■
Bacteria	Proteobacteria	Acinetobacter schindleri	0.0002	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Actinobacteria	Actinomyces odontolyticus	0.0002	0.00004 - 0.01	■
Bacteria	Actinobacteria	Actinomyces sp.	0.0005	0.0002 - 0.10	■
Bacteria	Actinobacteria	Adlercreutzia equolifaciens	0.003	0.0009 - 0.01	■
Bacteria	Proteobacteria	Aeromonas salmonicida	0.0004	0.00001 - 0.0008	■
Bacteria	Firmicutes	Agathobaculum butyriciproducens	0.0003	0.00001 - 0.0001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Alcaligenes faecalis	0.0001	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes finegoldii	1.65	0.58 - 4.38	■
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes indistinctus	0.010	0.004 - 0.28	■
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes inops	0.002	0.0004 - 0.76	■
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes putredinis	2.33	0.83 - 4.24	■
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes shahii	3.39	0.42 - 2.34	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes sp.	0.05	0.01 - 1.39	■
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes sp. Marseille-P5061	0.0003	0.00004 - 0.0005	■
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes sp. NML05A004	0.001	0.00001 - 0.0001	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Alistipes timonensis	0.003	0.001 - 0.04	■
Bacteria	Firmicutes	Allisonella histaminiformans	0.0001	0.00000 - 0.006	■
Bacteria	Proteobacteria	Altererythrobacter sp. B11	0.0003	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Anaerobiospirillum succiniciproducens	0.002	0.00006 - 0.002	▲
Bacteria	Firmicutes	Anaeroglobus geminatus	0.002	0.00002 - 0.001	▲
Bacteria	Firmicutes	Anaerostipes caccae	0.0006	0.00003 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Anaerostipes hadrus	1.29	0.01 - 0.36	▲
Bacteria	Firmicutes	Anaerotignum lactatifermentans	0.002	0.0006 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	Anaerotignum propionicum	0.0001	0.00007 - 0.0003	■
Bacteria	Firmicutes	Anaerotruncus colihominis	0.04	0.004 - 0.03	▲
Bacteria	Actinobacteria	Atopobium parvulum	0.0004	0.00001 - 0.009	■
Bacteria	Proteobacteria	Aureimonas sp. AU20	0.0002	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Firmicutes	Bacillus sp. (in: Bacteria)	0.0006	0.0003 - 0.02	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidales bacterium CF	0.0001	0.00001 - 0.00009	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides caccae	3.48	0.24 - 4.57	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides caecimuris	0.58	0.31 - 0.82	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides cellulosilyticus	1.57	0.10 - 3.19	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides clarus	0.46	0.04 - 0.57	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides coprocola	0.03	0.002 - 0.93	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides coprophilus	0.01	0.01 - 0.43	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides cutis	0.0002	0.0001 - 0.0005	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides dorei	0.81	0.87 - 8.15	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides eggerthii	0.12	0.02 - 1.47	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides faecis	0.10	0.03 - 1.56	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides finegoldii	0.09	0.02 - 1.42	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides fluxus	0.02	0.02 - 0.05	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides fragilis	1.28	0.65 - 3.15	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides galacturonicus	0.0002	0.00000 - 0.00004	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides helcogenes	0.02	0.008 - 0.03	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides heparinolyticus	0.004	0.003 - 0.01	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides intestinalis	0.03	0.01 - 0.73	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides intestinalis CAG:315	0.13	0.04 - 0.22	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides korensis	0.0002	0.00000 - 0.00005	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides kribbi	0.0001	0.00001 - 0.0005	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides massiliensis	0.02	0.10 - 3.99	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides nordii	0.004	0.002 - 0.19	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides oleiciplenus	0.06	0.02 - 0.13	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides ovatus	10.08	1.60 - 11.01	■



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides pectinophilus CAG:437	0.002	0.0001 - 0.04	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides plebeius	0.20	0.06 - 0.73	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides plebeius CAG:211	0.04	0.01 - 2.44	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides pyogenes	0.01	0.009 - 0.03	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides salanitronis	0.04	0.02 - 0.10	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides salyersiae	0.008	0.007 - 0.52	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sartorii	0.08	0.06 - 0.25	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sp.	2.98	0.65 - 3.28	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sp. CS27	0.0003	0.00001 - 0.0004	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sp. S-17	0.0003	0.00000 - 0.0001	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sp. S-18	0.0003	0.00002 - 0.0005	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sp. S427	0.0004	0.00001 - 0.0010	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sp. Smarlab 3301643	0.0003	0.00002 - 0.001	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sp. Smarlab 3302996	0.0003	0.00004 - 0.0006	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides sp. enrichment culture	0.0004	0.0001 - 0.0007	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides stercoris	4.96	0.18 - 5.10	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides thetaiotaomicron	4.96	0.82 - 4.72	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides uniformis	3.37	2.17 - 8.03	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides vulgatus	7.55	4.46 - 17.38	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides xyloisolvans	1.94	0.69 - 5.78	■
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroides zooglooformans	0.003	0.002 - 0.01	■
Bacteria	Bacteroidetes	Barnesiella intestinhominis	0.001	0.00004 - 0.001	■
Bacteria	Bacteroidetes	Barnesiella sp.	0.0008	0.00007 - 0.006	■
Bacteria	Bacteroidetes	Barnesiella viscericola	0.03	0.01 - 0.05	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium adolescentis	0.30	0.0007 - 1.30	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium angulatum	0.001	0.00002 - 0.02	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium animalis	0.0002	0.00001 - 0.004	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium bifidum	0.004	0.0004 - 0.09	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium breve	0.04	0.002 - 0.04	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium catenulatum	0.009	0.00006 - 0.12	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium dentium	0.0003	0.00000 - 0.008	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium kashiwanohense	0.01	0.00010 - 0.03	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium longum	0.32	0.003 - 0.93	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium pseudocatenulatum	0.18	0.0003 - 0.17	▲
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium ruminantium	0.003	0.00001 - 0.01	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium scardovii	0.0002	0.00000 - 0.0003	■
Bacteria	Actinobacteria	Bifidobacterium sp.	0.004	0.00000 - 0.005	■
Bacteria	Proteobacteria	Bilophila sp.	0.005	0.007 - 0.18	▼
Bacteria	Proteobacteria	Bilophila wadsworthia	0.0002	0.00005 - 0.0008	■
Bacteria	Firmicutes	Blautia hansenii	0.04	0.010 - 0.04	▲
Bacteria	Firmicutes	Blautia hydrogenotrophica	0.0009	0.0001 - 0.009	■
Bacteria	Firmicutes	Blautia obeum	0.21	0.04 - 0.52	■
Bacteria	Firmicutes	Blautia sp.	0.17	0.05 - 0.53	■
Bacteria	Firmicutes	Blautia sp. N6H1-15	0.002	0.0008 - 0.006	■
Bacteria	Firmicutes	Blautia wexlerae	0.0002	0.00002 - 0.0010	■
Bacteria	Proteobacteria	Bordetella trematum	0.0002	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Spirochaetes	Brachyspira pilosicoli	0.01	0.00003 - 0.0006	▲
Bacteria	Proteobacteria	Burkholderiales bacterium 1_1_47	0.006	0.01 - 0.29	▼
Bacteria	Proteobacteria	Burkholderiales bacterium YL45	0.0002	0.0003 - 0.008	▼
Bacteria	Firmicutes	Butyricoccus porcorum	0.0001	0.00000 - 0.00004	▲
Bacteria	Firmicutes	Butyricoccus sp.	0.53	0.007 - 0.09	▲
Bacteria	Firmicutes	Butyricoccus sp. GAM44	0.02	0.00003 - 0.001	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Butyricimonas sp.	0.02	0.005 - 0.21	■
Bacteria	Bacteroidetes	Butyricimonas synergistica	0.010	0.002 - 0.20	■
Bacteria	Firmicutes	Butyrivibrio crossotus	0.006	0.0008 - 0.78	■
Bacteria	Firmicutes	Butyrivibrio fibrisolvans	0.0001	0.00001 - 0.00007	▲
Bacteria	Firmicutes	Butyrivibrio sp.	0.008	0.0002 - 0.09	■
Bacteria	Proteobacteria	Campylobacter coli	0.008	0.003 - 0.01	■



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Proteobacteria	Campylobacter jejuni	0.009	0.001 - 0.02	■
Bacteria	Proteobacteria	Campylobacter sputorum	0.0002	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Candidatus Azobacteroides pseudotrichonymphae	0.0001	0.00000 - 0.00006	▲
Bacteria	Candidatus Melainabacteria	Candidatus Gastranaerophilales bacterium	0.0005	0.0001 - 0.25	■
Archaea	Euryarchaeota	Candidatus Methanomassiliicoccus intestinalis	0.0001	0.00004 - 0.02	■
Bacteria	Candidatus Saccharibacteria	Candidatus Saccharibacteria oral taxon TM7x	0.0002	0.00002 - 0.002	■
Bacteria	Bacteroidetes	Capnocytophaga sputigena	0.0003	0.00001 - 0.007	■
Bacteria	Firmicutes	Catabacter hongkongensis	0.0002	0.00002 - 0.003	■
Bacteria	Firmicutes	Catenibacterium mitsuokai	0.0008	0.0002 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	Catenibacterium sp.	0.002	0.0003 - 0.05	■
Bacteria	Firmicutes	Catonella morbi	0.0008	0.00003 - 0.001	■
Bacteria	Chlamydiae	Chlamydia trachomatis	0.0001	0.00005 - 0.006	■
Bacteria	Firmicutes	Christensenella massiliensis	0.004	0.004 - 0.03	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Chryseobacterium taklimakanense	0.0008	0.00001 - 0.009	■
Bacteria	Synergistetes	Cloacibacillus porcorum	0.0003	0.0002 - 0.005	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridiaceae bacterium K10	0.0002	0.00005 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridiales bacterium 1_7_47FAA	0.005	0.0004 - 0.01	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridiales bacterium CCNA10	0.28	0.03 - 0.13	▲
Bacteria	Firmicutes	Clostridiales bacterium Choco116	0.01	0.0006 - 0.01	▲
Bacteria	Firmicutes	Clostridiales bacterium DJF_CP67	0.0002	0.00000 - 0.00004	▲
Bacteria	Firmicutes	Clostridiales bacterium KLE1615	0.12	0.01 - 0.14	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridiales bacterium S5-A14a	0.0001	0.00001 - 0.0005	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridioides difficile	0.06	0.02 - 0.07	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridium cadaveris	0.002	0.00001 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridium cochlearium	0.0004	0.00007 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridium disporicum	0.004	0.00004 - 0.009	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridium nexile CAG:348	0.002	0.0002 - 0.04	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridium perfringens	0.003	0.0002 - 0.002	▲
Bacteria	Firmicutes	Clostridium sp.	3.95	1.00 - 4.20	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridium sp. Marseille-P2378	0.0001	0.00001 - 0.00010	▲
Bacteria	Firmicutes	Clostridium sp. SY8519	0.0004	0.0006 - 0.008	▼
Bacteria	Firmicutes	Clostridium sporogenes	0.0003	0.00000 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	Clostridium ventriculi	0.0003	0.00001 - 0.001	■
Bacteria	Actinobacteria	Collinsella aerofaciens	0.02	0.002 - 0.05	■
Bacteria	Actinobacteria	Collinsella intestinalis	0.0007	0.00000 - 0.02	■
Bacteria	Actinobacteria	Collinsella sp.	0.0003	0.00004 - 0.01	■
Bacteria	Actinobacteria	Collinsella stercoris	0.0004	0.00001 - 0.02	■
Bacteria	Actinobacteria	Collinsella tanakaei	0.0003	0.00001 - 0.005	■
Bacteria	Firmicutes	Coprobacillus sp.	0.02	0.0002 - 0.02	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Coprobacter fastidiosus	0.64	0.003 - 0.25	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Coprobacter secundus	0.02	0.002 - 0.09	■
Bacteria	Firmicutes	Coprococcus catus	0.13	0.01 - 0.11	▲
Bacteria	Firmicutes	Coprococcus comes	0.07	0.007 - 0.14	■
Bacteria	Firmicutes	Coprococcus eutactus	0.004	0.0006 - 0.22	■
Bacteria	Firmicutes	Coprococcus sp.	0.002	0.0006 - 0.009	■
Bacteria	Firmicutes	Coprococcus sp. ART55/1	0.01	0.002 - 0.29	■
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriaceae bacterium CHKCI002	0.002	0.0005 - 0.003	■
Bacteria	Actinobacteria	Corynebacterium durum	0.0003	0.00000 - 0.003	■
Bacteria	Actinobacteria	Cutibacterium acnes	0.001	0.00007 - 0.005	■
Bacteria	Actinobacteria	Cutibacterium granulosum	0.0001	0.00000 - 0.0001	■
Bacteria	Proteobacteria	Delftia acidovorans	0.0001	0.00000 - 0.00003	▲
Bacteria	Proteobacteria	Desulfatibacillum alkenivorans	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Desulfovibrio desulfuricans	0.0001	0.00001 - 0.0002	■
Bacteria	Proteobacteria	Desulfovibrio piger	0.001	0.00003 - 0.12	■



Dominio	Phylum	Specie	Valore Rilevato (%)	Valore di Riferimento (%)	
Bacteria	Proteobacteria	Devosia sp. H5989	0.0001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	Dialister invisus	0.45	0.004 - 0.36	▲
Bacteria	Firmicutes	Dialister pneumosintes	0.001	0.00005 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Dialister sp.	0.0008	0.00003 - 0.13	■
Bacteria	Firmicutes	Dialister sp. Marseille-P5638	0.006	0.00002 - 0.34	■
Bacteria	Firmicutes	Dialister sp. oral clone 55A-29	0.0001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	Dialister succinatiphilus	0.0008	0.00000 - 0.07	■
Bacteria	Firmicutes	Dorea formicigenerans	0.03	0.01 - 0.12	■
Bacteria	Firmicutes	Dorea longicatena	0.15	0.01 - 0.20	■
Bacteria	Firmicutes	Dorea sp.	0.007	0.002 - 0.02	■
Bacteria	Actinobacteria	Eggerthella lenta	0.005	0.001 - 0.04	■
Bacteria	Actinobacteria	Eggerthella sp.	0.01	0.0002 - 0.07	■
Bacteria	Firmicutes	Eggerthia cateniformis	0.0004	0.00001 - 0.0006	■
Bacteria	Firmicutes	Eisenbergiella tayi	0.03	0.002 - 0.08	■
Bacteria	Firmicutes	Enterococcus devriesei	0.0005	0.0003 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Enterococcus faecalis	0.0006	0.0004 - 0.01	■
Bacteria	Firmicutes	Enterococcus faecium	0.02	0.002 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	Enterococcus italicus	0.0003	0.00000 - 0.00009	▲
Eukaryota	Microsporidia	Enterocytozoon bienewisi	0.0001	0.00 - 0.00008	▲
Bacteria	Actinobacteria	Enteroscipio rubneri	0.0002	0.00004 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Erysipelatoclostridium ramosum	0.0006	0.00001 - 0.00010	▲
Bacteria	Firmicutes	Erysipelatoclostridium sp. SNUG30099	0.0002	0.00002 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	Erysipelatoclostridium sp. SNUG30386	0.0003	0.00001 - 0.00008	▲
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichaceae bacterium 3_1_53	0.002	0.001 - 0.009	■
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichaceae bacterium GAM147	0.006	0.001 - 0.03	■
Bacteria	Proteobacteria	Escherichia coli	0.04	0.004 - 0.24	■
Bacteria	Firmicutes	Ethanoligenens harbinense	0.0002	0.00009 - 0.0006	■
Bacteria	Firmicutes	Eubacteriaceae bacterium CHKCI004	0.009	0.001 - 0.005	▲
Bacteria	Firmicutes	Eubacterium callanderi	0.0002	0.00005 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Eubacterium dolichum CAG:375	0.0003	0.00005 - 0.007	■
Bacteria	Firmicutes	Eubacterium limosum	0.006	0.002 - 0.007	■
Bacteria	Firmicutes	Eubacterium ramulus	0.02	0.004 - 0.06	■
Bacteria	Firmicutes	Eubacterium sp.	2.09	0.13 - 1.20	▲
Bacteria	Firmicutes	Eubacterium ventriosum	0.01	0.05 - 0.23	▼
Bacteria	Firmicutes	Faecalibacterium prausnitzii	3.34	1.02 - 5.90	■
Bacteria	Firmicutes	Faecalibacterium sp.	0.02	0.03 - 1.48	▼
Bacteria	Firmicutes	Faecalibaculum rodentium	0.0001	0.00004 - 0.0009	■
Bacteria	Firmicutes	Faecalitalea cylindroides	0.02	0.008 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	Fastidiosipila sanguinis	0.0001	0.00001 - 0.00008	▲
Bacteria	Firmicutes	Finegoldia magna	0.0004	0.00005 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:102	0.004	0.005 - 0.06	▼
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:103	0.007	0.01 - 0.87	▼
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:110	0.01	0.008 - 0.57	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:114	0.02	0.002 - 0.04	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:124	0.0009	0.01 - 0.44	▼
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:129	0.002	0.06 - 0.71	▼
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:145	0.0002	0.00003 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:170	0.004	0.003 - 0.05	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:176	0.003	0.006 - 1.17	▼
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:194	0.01	0.001 - 0.13	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:227	0.006	0.0005 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:238	0.01	0.0005 - 0.06	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:240	0.003	0.0005 - 0.39	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:313	0.004	0.00000 - 0.09	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:341	0.0002	0.00006 - 0.33	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:424	0.005	0.0005 - 0.01	■
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:534	0.007	0.0003 - 0.007	▲



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:582	0.0001	0.00000 - 0.005	
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:631	0.0002	0.00000 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:646	0.003	0.0005 - 0.006	
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:791	0.0007	0.0001 - 0.005	
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:822	0.0003	0.00000 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:83	0.002	0.009 - 0.40	▼
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:882	0.002	0.0002 - 0.04	
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:94	0.006	0.0002 - 0.02	
Bacteria	Firmicutes	Firmicutes bacterium CAG:95	0.01	0.0006 - 0.22	
Bacteria	Bacteroidetes	Flavobacterium lindanitolerans	0.001	0.00003 - 0.0009	▲
Bacteria	Firmicutes	Flavonifractor plautii	0.11	0.02 - 0.28	
Bacteria	Firmicutes	Flavonifractor sp.	0.32	0.03 - 0.15	▲
Bacteria	Synergistetes	Fretibacterium fastidiosum	0.0002	0.00002 - 0.0003	
Bacteria	Firmicutes	Fusicatenibacter saccharivorans	0.20	0.01 - 0.25	
Bacteria	Fusobacteria	Fusobacterium gonidiaformans	0.001	0.0004 - 0.003	
Bacteria	Fusobacteria	Fusobacterium nucleatum	0.0004	0.00005 - 0.008	
Bacteria	Fusobacteria	Fusobacterium sp.	0.0001	0.00008 - 0.005	
Bacteria	Bacteroidetes	Gabonia massiliensis	0.0002	0.00000 - 0.0002	▲
Bacteria	Actinobacteria	Gardnerella vaginalis	0.0001	0.00000 - 0.001	
Bacteria	Firmicutes	Gemella haemolysans	0.0001	0.00001 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	Gemella sp. oral taxon 928	0.0002	0.00000 - 0.0001	▲
Bacteria	Firmicutes	Gemmiger formicilis	0.34	0.03 - 0.81	
Bacteria	Actinobacteria	Gordonibacter massiliensis	0.0001	0.00001 - 0.001	
Bacteria	Actinobacteria	Gordonibacter pamelaeeae	0.005	0.0004 - 0.02	
Bacteria	Actinobacteria	Gordonibacter urolithinifaciens	0.003	0.0009 - 0.009	
Bacteria	Firmicutes	Gottschalkia purinilytica	0.0002	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Granulibacter thesedensis	0.0001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	Granulicatella adiacens	0.0002	0.00001 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	Granulicatella elegans	0.0002	0.00000 - 0.0002	▲
Bacteria	Proteobacteria	Haemophilus parahaemolyticus	0.0007	0.00004 - 0.0006	▲
Bacteria	Proteobacteria	Haemophilus parainfluenzae	0.001	0.0003 - 0.04	
Bacteria	Proteobacteria	Haemophilus sp.	0.0006	0.0002 - 0.04	
Bacteria	Proteobacteria	Helicobacter pylori	0.0001	0.00 - 0.00004	▲
Bacteria	Firmicutes	Herbinix luporum	0.0004	0.00005 - 0.0003	▲
Bacteria	Proteobacteria	Histophilus somni	0.0004	0.00000 - 0.0004	▲
Bacteria	Firmicutes	Holdemanella biformis	0.006	0.0006 - 0.04	
Bacteria	Firmicutes	Holdemania filiformis	0.04	0.002 - 0.02	▲
Bacteria	Firmicutes	Holdemania sp. Marseille-P2844	0.0002	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Firmicutes	Hungatella hathewayi	0.06	0.007 - 0.05	▲
Bacteria	Firmicutes	Ihubacter massiliensis	0.0003	0.00000 - 0.00003	▲
Bacteria	Firmicutes	Intestinibacter bartlettii	0.02	0.0001 - 0.02	▲
Bacteria	Firmicutes	Intestinimonas butyriciproducens	0.35	0.02 - 0.16	▲
Bacteria	Proteobacteria	Klebsiella oxytoca	0.0002	0.00 - 0.003	
Bacteria	Proteobacteria	Kluyvera ascorbata	0.001	0.00003 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	Lachnoanaerobaculum saburreum	0.0003	0.00000 - 0.010	
Bacteria	Firmicutes	Lachnoclostridium pacaense	0.0002	0.00001 - 0.00008	▲
Bacteria	Firmicutes	Lachnoclostridium phocaense	0.01	0.005 - 0.02	
Bacteria	Firmicutes	Lachnoclostridium phytofermentans	0.0003	0.00009 - 0.0003	
Bacteria	Firmicutes	Lachnoclostridium sp.	0.006	0.002 - 0.01	
Bacteria	Firmicutes	Lachnoclostridium sp. YL32	0.01	0.002 - 0.01	▲
Bacteria	Firmicutes	Lachnospira pectinoschiza	0.02	0.008 - 0.24	
Bacteria	Firmicutes	Lachnospiraceae bacterium	0.005	0.0008 - 0.01	
Bacteria	Firmicutes	Lachnospiraceae bacterium Choco86	0.02	0.004 - 0.02	
Bacteria	Firmicutes	Lachnospiraceae bacterium GAM79	0.18	0.04 - 0.25	
Bacteria	Firmicutes	Lachnospiraceae bacterium TF01-11	0.0003	0.00001 - 0.0002	▲
Bacteria	Firmicutes	Lachnospiraceae bacterium oral taxon 500	0.01	0.003 - 0.01	





DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Firmicutes	Lactobacillus amylophilus	0.001	0.0003 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Lactobacillus fermentum	0.0001	0.00 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	Lactobacillus kefiranofaciens	0.0004	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	Lactobacillus rogosae	0.0006	0.00001 - 0.0001	▲
Bacteria	Firmicutes	Lactobacillus ruminis	0.0004	0.00004 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	Lactococcus garvieae	0.0001	0.0003 - 0.003	▼
Bacteria	Proteobacteria	Lawsonia intracellularis	0.0003	0.00005 - 0.001	■
Bacteria	Proteobacteria	Legionella pneumophila	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Fusobacteria	Leptotrichia goodfellowii	0.002	0.00002 - 0.001	▲
Bacteria	Fusobacteria	Leptotrichia sp. oral taxon 212	0.0006	0.00 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Leuconostoc mesenteroides	0.0001	0.0001 - 0.001	■
Bacteria	Actinobacteria	Libanicoccus massiliensis	0.0001	0.00003 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	Magaeibacillus indolicus	0.0003	0.0002 - 0.0008	■
Eukaryota	Basidiomycota	Malassezia globosa	0.0004	0.00000 - 0.0002	▲
Bacteria	Proteobacteria	Mannheimia haemolytica	0.0006	0.00000 - 0.00006	▲
Bacteria	Firmicutes	Massiliomicrobiota sp.	0.003	0.00005 - 0.01	■
Bacteria	Firmicutes	Massiliomicrobiota timonensis	0.03	0.002 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	Megamonas funiformis	0.03	0.0002 - 0.06	■
Bacteria	Firmicutes	Megamonas hypermegalae	0.07	0.00000 - 0.31	■
Bacteria	Firmicutes	Megamonas rupellensis	0.0001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	Megasphaera micronuciformis	0.0006	0.0003 - 0.02	■
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium aquaticum	0.0002	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium nodulans	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium oryzae	0.0004	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium phyllosphaerae	0.001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium radiotolerans	0.0004	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium sp. 17Sr1-1	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium sp. 17Sr1-43	0.0001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium sp. C1	0.002	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium sp. DM1	0.0004	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium sp. PR1016A	0.0004	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylobacterium sp. XJLM	0.0004	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylorubrum extorquens	0.0004	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Methylorubrum populi	0.0002	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	Mogibacterium diversum	0.0001	0.00001 - 0.009	■
Bacteria	Firmicutes	Mogibacterium pumilum	0.0002	0.00000 - 0.0007	■
Bacteria	Firmicutes	Monoglobus pectinilyticus	0.01	0.003 - 0.07	■
Bacteria	Firmicutes	Mordavella sp. Marseille-P3756	0.03	0.009 - 0.05	■
Bacteria	Bacteroidetes	Mucinivorans hirudinis	0.0001	0.00001 - 0.0001	■
Bacteria	Firmicutes	Murdochella vaginalis	0.002	0.0005 - 0.004	■
Bacteria	Bacteroidetes	Muribaculum intestinale	0.0007	0.0005 - 0.02	■
Bacteria	Tenericutes	Mycoplasma sp.	0.0006	0.00010 - 0.19	■
Bacteria	Bacteroidetes	Myroides odoratimimus	0.0003	0.00000 - 0.003	■
Eukaryota	Basidiomycota	Naganishia albida	0.0001	0.00000 - 0.00007	▲
Bacteria	Proteobacteria	Novosphingobium pentaromativorans	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Novosphingobium resinovorum	0.001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Odoribacter laneus	0.0008	0.0004 - 0.26	■
Bacteria	Bacteroidetes	Odoribacter sp.	0.0005	0.0005 - 0.01	■
Bacteria	Bacteroidetes	Odoribacter splanchnicus	1.51	0.36 - 1.24	▲
Bacteria	Actinobacteria	Olsenella sp. GAM18	0.0003	0.00000 - 0.05	■
Bacteria	Actinobacteria	Olsenella umbonata	0.0004	0.00003 - 0.001	■
Bacteria	Bacteroidetes	Ornithobacterium rhinotracheale	0.02	0.02 - 0.10	■
Bacteria	Firmicutes	Oscilibacter massiliensis	0.0007	0.00006 - 0.0003	▲
Bacteria	Firmicutes	Oscilibacter sp.	0.87	0.07 - 0.47	▲
Bacteria	Firmicutes	Oscilibacter sp. PEA192	0.36	0.04 - 0.15	▲
Bacteria	Firmicutes	Oscilibacter valericigenes	0.002	0.0008 - 0.004	■
Bacteria	Proteobacteria	Oxalobacter formigenes	0.0001	0.00000 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	Paeniclostridium sordellii	0.0004	0.00001 - 0.0002	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides distasonis	0.41	0.14 - 1.02	■
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides goldsteinii	0.007	0.005 - 0.25	■



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides gordonii	0.0003	0.0005 - 0.010	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides johnsonii	0.002	0.01 - 0.47	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides merdae	0.02	0.41 - 3.17	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides sp.	0.003	0.0008 - 0.06	■
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides sp. CT06	0.77	0.46 - 2.72	■
Bacteria	Bacteroidetes	Parabacteroides sp. dnLKV8	0.0002	0.00000 - 0.0001	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Paraprevotella clara	0.02	0.008 - 1.08	■
Bacteria	Bacteroidetes	Paraprevotella xylaniphila	0.02	0.006 - 0.21	■
Bacteria	Firmicutes	Parvimonas micra	0.0006	0.0001 - 0.004	■
Bacteria	Firmicutes	Parvimonas sp.	0.0008	0.00000 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	Pediococcus pentosaceus	0.0002	0.00 - 0.00004	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Pedobacter cryoconitis	0.0002	0.00000 - 0.0008	■
Bacteria	Firmicutes	Peptoniphilus harei	0.0002	0.00001 - 0.04	■
Bacteria	Firmicutes	Peptostreptococcus anaerobius	0.0003	0.0001 - 0.0008	■
Bacteria	Bacteroidetes	Petrimonas mucosa	0.003	0.0001 - 0.002	▲
Bacteria	Firmicutes	Phascolarctobacterium succinatutens	0.003	0.0006 - 0.14	■
Bacteria	Actinobacteria	Phoenicibacter massiliensis	0.0004	0.00004 - 0.001	■
Bacteria	Proteobacteria	Photobacterium damsela	0.0002	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Porphyrobacter neustonensis	0.0003	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Porphyrobacter sp. CACIAM 03H1	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Porphyromonas asaccharolytica	0.0004	0.00005 - 0.006	■
Bacteria	Bacteroidetes	Porphyromonas crevioricanis	0.0002	0.00006 - 0.0008	■
Bacteria	Bacteroidetes	Porphyromonas gingivalis	0.0008	0.0008 - 0.005	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Porphyromonas sp.	0.0001	0.00007 - 0.006	■
Bacteria	Bacteroidetes	Porphyromonas uenonis	0.0002	0.00000 - 0.001	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella amnii	0.0005	0.0003 - 0.009	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella bergensis	0.01	0.005 - 0.02	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella bivia	0.0002	0.0003 - 0.02	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella copri	0.0002	0.03 - 5.93	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella corporis	0.0005	0.0006 - 0.010	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella dentalis	0.0002	0.0004 - 0.007	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella disiens	0.0002	0.00002 - 0.006	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella histicola	0.0006	0.0004 - 0.03	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella intermedia	0.01	0.01 - 0.06	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella jejuni	0.006	0.002 - 0.06	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella melaninogenica	0.0006	0.0004 - 0.13	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella multisaccharivorax	0.0007	0.0002 - 0.003	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella nigrescens	0.0005	0.0001 - 0.003	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella oris	0.0001	0.00001 - 0.004	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella scopos	0.0002	0.0001 - 0.010	■
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella sp.	0.03	0.08 - 5.74	▼
Bacteria	Bacteroidetes	Prevotella stercorea	0.0010	0.0002 - 0.11	■
Bacteria	Actinobacteria	Propionibacterium sp. S342	0.0004	0.00003 - 0.0006	■
Bacteria	Actinobacteria	Propionimicrobium sp. Marseille-P3275	0.0004	0.00008 - 0.0006	■
Bacteria	Proteobacteria	Proteobacteria bacterium CAG:139	0.0002	0.001 - 0.45	▼
Bacteria	Proteobacteria	Providencia rettgeri	0.0006	0.00002 - 0.0007	■
Bacteria	Firmicutes	Pseudobutyrvibrio sp.	0.0006	0.00008 - 0.0008	■
Bacteria	Firmicutes	Pseudoflavonifractor sp.	0.02	0.001 - 0.01	▲
Bacteria	Proteobacteria	Pseudomonas protegens	0.001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Pseudomonas sp. K-62	0.0002	0.00 - 0.00	▲
Bacteria	Firmicutes	Pygmaibacter massiliensis	0.0001	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Proteobacteria	Ralstonia insidiosa	0.0002	0.00000 - 0.00003	▲
Bacteria	Proteobacteria	Ralstonia solanacearum	0.0006	0.00000 - 0.0002	▲
Bacteria	Actinobacteria	Rhodococcus erythropolis	0.0008	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Actinobacteria	Rhodococcus qingshengii	0.002	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Actinobacteria	Rhodococcus sp. 008	0.001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Actinobacteria	Rhodococcus sp. BH4	0.001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Actinobacteria	Rhodococcus sp. H-CA8f	0.0002	0.00 - 0.00000	▲



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Actinobacteria	Rhodococcus sp. YL-1	0.002	0.00 - 0.0000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Rhodopseudomonas palustris	0.0002	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Riemerella anatipestifer	0.0001	0.00005 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Romboutsia ilealis	0.03	0.0004 - 0.01	▲
Bacteria	Firmicutes	Romboutsia sp. Frifi	0.0003	0.00001 - 0.0003	▲
Bacteria	Firmicutes	Roseburia faecis	1.02	0.009 - 0.17	▲
Bacteria	Firmicutes	Roseburia hominis	0.17	0.05 - 0.32	■
Bacteria	Firmicutes	Roseburia intestinalis	0.26	0.07 - 0.62	■
Bacteria	Firmicutes	Roseburia inulinivorans	0.28	0.03 - 0.18	▲
Bacteria	Firmicutes	Roseburia sp.	0.21	0.02 - 0.65	■
Bacteria	Firmicutes	Roseburia sp. A2-194	0.0001	0.00002 - 0.0003	■
Bacteria	Proteobacteria	Roseomonas sp. FDAARGOS_362	0.0002	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Actinobacteria	Rothia aeria	0.0002	0.00000 - 0.005	■
Bacteria	Actinobacteria	Rothia mucilaginosa	0.0006	0.00002 - 0.03	■
Bacteria	Actinobacteria	Rothia sp.	0.0001	0.00001 - 0.01	■
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcaceae bacterium CPB6	0.0001	0.00002 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcaceae bacterium D16	0.004	0.0006 - 0.04	■
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus albus	0.0007	0.00007 - 0.003	■
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus bicirculans	0.38	0.006 - 2.63	■
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus bromii	0.03	0.02 - 0.55	■
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus champanellensis	0.005	0.0005 - 0.09	■
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus gauvreauii	0.0001	0.00001 - 0.00004	▲
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus lactaris	0.40	0.008 - 0.13	▲
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus sp.	0.34	0.14 - 1.88	■
Bacteria	Firmicutes	Ruminococcus sp. SR1/5	0.10	0.01 - 0.14	■
Bacteria	Firmicutes	Ruthenibacterium lactatiformans	0.14	0.01 - 0.51	■
Eukaryota	Ascomycota	Saccharomyces cerevisiae	0.0002	0.00000 - 0.0004	■
Bacteria	Actinobacteria	Scardovia wiggisiae	0.0005	0.00000 - 0.0001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Serratia marcescens	0.0003	0.00 - 0.0001	▲
Eukaryota	Ascomycota	Sordaria macrospora	0.0009	0.00 - 0.00003	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium baderi	0.0002	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium chungbukense	0.0001	0.00 - 0.00	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium cloacae	0.0003	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium herbicidovorans	0.0003	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium hydrophobicum	0.0006	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium sp. RAC03	0.0006	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium sp. TKS	0.0002	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium sp. YG1	0.0003	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingobium yanoikuyae	0.002	0.00000 - 0.00003	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas ginsenosidimutans	0.0010	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas hengshuiensis	0.0003	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas koreensis	0.002	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas melonis	0.010	0.00000 - 0.00004	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas panacis	0.002	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sanxanigenens	0.0003	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp.	0.0003	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. Cra20	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. FARSPH	0.001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. JJ-A5	0.0002	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. KC8	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. LK11	0.001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. LM7	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. MM-1	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. NIC1	0.0010	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas sp. SH	0.0001	0.00 - 0.00	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas taxi	0.0006	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingomonas wittichii	0.001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingopyxis fribergensis	0.0002	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Proteobacteria	Sphingopyxis macrogoltabida	0.0004	0.00000 - 0.00001	▲



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Proteobacteria	Sphingopyxis sp. MG	0.0006	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Firmicutes	Sporanaerobacter acetigenes	0.005	0.004 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	Stomatobaculum longum	0.0003	0.00005 - 0.006	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus acidominimus	0.0001	0.00002 - 0.0009	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus agalactiae	0.0007	0.0003 - 0.003	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus anginosus	0.0002	0.00003 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus equinus	0.001	0.00004 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus gordonii	0.0010	0.00007 - 0.008	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus infantis	0.0002	0.00009 - 0.006	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus lutetiensis	0.0004	0.00007 - 0.0003	▲
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus mitis	0.003	0.0003 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus oralis	0.002	0.002 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus parasanguinis	0.0008	0.0003 - 0.05	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus pasteurianus	0.001	0.0002 - 0.004	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus pluranimalium	0.0001	0.00000 - 0.0001	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus pneumoniae	0.0007	0.00007 - 0.006	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus pseudopneumoniae	0.0001	0.00001 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus salivarius	0.009	0.0003 - 0.12	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus sp.	0.0010	0.0002 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus sp. FDAARGOS_192	0.001	0.00004 - 0.01	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus sp. oral taxon 431	0.0003	0.00004 - 0.01	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus suis	0.001	0.0008 - 0.006	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus thermophilus	0.0004	0.0003 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	Streptococcus vestibularis	0.0001	0.00000 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	Subdoligranulum variabile	0.0001	0.00001 - 0.0002	■
Bacteria	Proteobacteria	Sutterella parvirubra	0.001	0.00000 - 0.002	■
Bacteria	Proteobacteria	Sutterella seckii	0.0006	0.00000 - 0.0010	■
Bacteria	Proteobacteria	Sutterella sp.	0.006	0.001 - 0.60	■
Bacteria	Proteobacteria	Sutterella sp. 6FBBBH3	0.005	0.0003 - 0.007	■
Bacteria	Proteobacteria	Sutterella wadsworthensis	0.43	0.003 - 0.34	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Tannerella forsythia	0.0006	0.0001 - 0.002	■
Bacteria	Bacteroidetes	Tannerella sp. oral taxon HOT-286	0.0003	0.0001 - 0.004	■
Bacteria	Firmicutes	Terrisporobacter othiniensis	0.0002	0.00000 - 0.0010	■
Bacteria	Spirochaetes	Treponema pedis	0.0006	0.00 - 0.0002	▲
Bacteria	Spirochaetes	Treponema sp. OMZ 838	0.0001	0.00002 - 0.0004	■
Bacteria	Spirochaetes	Treponema succinifaciens	0.0004	0.0002 - 0.001	■
Eukaryota	Ascomycota	Trichophyton benhamiae	0.0001	0.00001 - 0.0009	■
Bacteria	Firmicutes	Turicibacter sanguinis	0.002	0.0001 - 0.005	■
Bacteria	Firmicutes	Turicibacter sp. H121	0.01	0.0003 - 0.009	▲
Bacteria	Actinobacteria	Varibaculum cambriense	0.0003	0.00001 - 0.0008	■
Bacteria	Firmicutes	Veillonella atypica	0.002	0.0002 - 0.06	■
Bacteria	Firmicutes	Veillonella dispar	0.003	0.0003 - 0.06	■
Bacteria	Firmicutes	Veillonella parvula	0.001	0.0003 - 0.05	■
Bacteria	Firmicutes	Veillonella seminalis	0.0007	0.0003 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	Veillonella sp.	0.0003	0.0002 - 0.04	■
Bacteria	Firmicutes	Veillonellaceae bacterium DNF00626	0.001	0.00001 - 0.001	■
Bacteria	Lentisphaerae	Victivallales bacterium CCUG 44730	0.0005	0.0005 - 0.23	■
Bacteria	Firmicutes	Weissella cibaria	0.0005	0.00 - 0.0003	▲
Bacteria	Firmicutes	Weissella confusa	0.001	0.00 - 0.0002	▲
Bacteria	Proteobacteria	Xanthomonas fragariae	0.0002	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] asparagiforme	0.003	0.0004 - 0.008	■
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] bolteae	0.12	0.03 - 0.13	■
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] citroniae	0.0001	0.00002 - 0.0001	■
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] clostridioforme	0.007	0.003 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] hylemonae	0.0002	0.0002 - 0.002	▼
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] innocuum	0.002	0.0010 - 0.008	■
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] lavalense	0.02	0.005 - 0.03	■



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] leptum	0.01	0.003 - 0.15	■
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] methylpentosum	0.0002	0.0003 - 0.004	▼
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] saccharolyticum	0.02	0.009 - 0.05	■
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] scindens	0.001	0.00008 - 0.007	■
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] sphenoides	0.001	0.0004 - 0.001	▲
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] spiroforme	0.04	0.0005 - 0.04	▲
Bacteria	Firmicutes	[Clostridium] symbiosum	0.02	0.0001 - 0.01	▲
Bacteria	Firmicutes	[Eubacterium] eligens	0.28	0.04 - 0.53	■
Bacteria	Firmicutes	[Eubacterium] hallii	0.17	0.02 - 0.26	■
Bacteria	Firmicutes	[Eubacterium] minutum	0.0001	0.00001 - 0.0002	■
Bacteria	Firmicutes	[Eubacterium] rectale	1.38	0.30 - 2.74	■
Bacteria	Firmicutes	[Eubacterium] siraeum	0.03	0.02 - 0.67	■
Bacteria	Firmicutes	[Eubacterium] sulci	0.0009	0.0001 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	[Ruminococcus] gnavus	0.04	0.002 - 0.11	■
Bacteria	Firmicutes	[Ruminococcus] torques	0.09	0.06 - 0.62	■
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	bacterium	0.0003	0.0004 - 0.003	▼
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	bacterium NLAE-zl-C513	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	bacterium NLAE-zl-G422	0.0002	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	bacterium NLAE-zl-P278	0.0002	0.00 - 0.00007	▲
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	bacterium enrichment culture clone LDC-11	0.0004	0.00000 - 0.00004	▲
Bacteria	Firmicutes	butyrate-producing bacterium L2-12	0.0002	0.00001 - 0.0002	▲
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	butyrate-producing bacterium P607	0.0004	0.00000 - 0.00007	▲
Bacteria	Firmicutes	butyrate-producing bacterium SM4/1	0.008	0.006 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	butyrate-producing bacterium SS3/4	0.18	0.03 - 0.11	▲
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	mixed culture bacterium CF_gF3SD01_01	0.0006	0.0001 - 0.0005	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Achromobacter(g)	0.0001	0.00001 - 0.0001	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Acidaminococcaceae(f)	0.0010	0.0008 - 0.006	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Acidaminococcales(o)	0.001	0.0003 - 0.003	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Acidaminococcus(g)	0.0002	0.0003 - 0.01	■
Bacteria	Acidobacteria	unkn. Acidobacteria(p)	0.0002	0.00004 - 0.0003	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Actinobacteria(c)	0.002	0.0004 - 0.005	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Actinobacteria(p)	0.005	0.002 - 0.02	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Actinomycetes(g)	0.0008	0.0004 - 0.17	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Actinomycetales(o)	0.0001	0.00003 - 0.001	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Adlercreutzia(g)	0.005	0.001 - 0.02	■
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Akkermansia(g)	0.0004	0.001 - 0.39	▼
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Akkermansiaceae(f)	0.0001	0.0002 - 0.007	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Alcaligenaceae(f)	0.0002	0.00007 - 0.0005	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Alistipes(g)	0.46	0.16 - 1.17	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Alkalibacter(g)	0.0001	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Allisonella(g)	0.0001	0.00001 - 0.0003	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Alphaproteobacteria(c)	0.005	0.0002 - 0.004	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Altererythrobacter(g)	0.0001	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Anaerococcus(g)	0.0003	0.00004 - 0.0006	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Anaeroglobus(g)	0.0008	0.00000 - 0.0004	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Anaeromassilibacillus(g)	0.02	0.005 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Anaerosphaera(g)	0.0002	0.0003 - 0.36	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Anaerostipes(g)	0.007	0.0004 - 0.004	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Anaerotignum(g)	0.0008	0.0002 - 0.009	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Anaerotruncus(g)	0.0005	0.0002 - 0.03	■
Archaea	unkn. Archaea(d)	unkn. Archaea(d)	0.0007	0.00002 - 0.0006	▲
Eukaryota	Ascomycota	unkn. Ascomycota(p)	0.0003	0.00007 - 0.0010	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Atopobiaceae(f)	0.0004	0.0001 - 0.007	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Atopobium(g)	0.001	0.0001 - 0.04	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Bacillaceae(f)	0.0005	0.0001 - 0.0006	■



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Bacillales(o)	0.0007	0.0004 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Bacilli(c)	0.0002	0.0004 - 0.005	
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	unkn. Bacteria(d)	0.49	0.28 - 0.62	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroidaceae(f)	0.26	0.11 - 0.25	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroidales(o)	0.85	0.91 - 1.62	▼
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroides(g)	8.97	5.40 - 11.85	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroidetes(p)	0.11	0.07 - 0.22	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Bacteroidia(c)	0.06	0.02 - 0.09	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Barnesiella(g)	0.005	0.0008 - 0.006	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Barnesiaceae(f)	0.005	0.0008 - 0.005	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Betaproteobacteria(c)	0.003	0.0004 - 0.007	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Bifidobacteriaceae(f)	0.009	0.0002 - 0.007	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Bifidobacteriales(o)	0.003	0.00009 - 0.002	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Bifidobacterium(g)	0.09	0.002 - 0.15	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Bilophila(g)	0.14	0.001 - 0.04	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Blastomonas(g)	0.0001	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Blautia(g)	0.74	0.20 - 1.29	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Bordetella(g)	0.0002	0.00001 - 0.0001	▲
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Brachyspira(g)	0.0002	0.00003 - 0.01	
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Brachyspiraceae(f)	0.0001	0.00000 - 0.0003	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Bradyrhizobium(g)	0.0002	0.00002 - 0.00010	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Burkholderia(g)	0.0002	0.00002 - 0.0003	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Burkholderiaceae(f)	0.001	0.0001 - 0.002	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Burkholderiales(o)	0.005	0.0006 - 0.01	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Butyrivibrio(g)	0.15	0.005 - 0.03	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Butyrivibrio(g)	0.10	0.05 - 0.47	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Butyrivibrio(g)	0.0007	0.0002 - 0.005	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Campylobacter(g)	0.01	0.001 - 0.06	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Campylobacteraceae(f)	0.0007	0.00008 - 0.0010	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Campylobacterales(o)	0.0006	0.00004 - 0.0004	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Candidatus Stoquefichus(g)	0.008	0.0004 - 0.02	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Catenibacterium(g)	0.0009	0.0003 - 0.05	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Caulobacter(g)	0.0001	0.00000 - 0.00006	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Caulobacteraceae(f)	0.0003	0.00002 - 0.0002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Christensenella(g)	0.0003	0.0001 - 0.0008	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Christensenellaceae(f)	0.0002	0.00007 - 0.0005	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Chromobacteriaceae(f)	0.0001	0.00003 - 0.0002	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridia(c)	0.07	0.01 - 0.11	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridiaceae(f)	0.06	0.02 - 0.07	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridiales Family XIII. Incertae Sedis(f)	0.0008	0.00007 - 0.0006	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridiales(o)	0.63	0.22 - 0.71	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridioides(g)	0.001	0.0007 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Clostridium(g)	0.90	0.48 - 1.26	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Collinsella(g)	0.17	0.07 - 0.77	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Comamonadaceae(f)	0.0002	0.0001 - 0.0006	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Coprobacillus(g)	0.0002	0.00004 - 0.006	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Coprobacter(g)	0.009	0.0003 - 0.007	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Coprococcus(g)	0.05	0.01 - 0.10	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Coriobacteriaceae(f)	0.0006	0.001 - 0.01	▼
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Coriobacteriales(o)	0.002	0.0007 - 0.009	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Coriobacteriia(c)	0.0004	0.0004 - 0.009	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Corynebacterium(g)	0.0002	0.00002 - 0.004	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Croceicoccus(g)	0.0001	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Cyanobacteria	unkn. Cyanobacteria(p)	0.0006	0.00009 - 0.0004	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Cytophagaceae(f)	0.0001	0.00002 - 0.0001	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Cytophagales(o)	0.0003	0.00007 - 0.0006	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Cytophagia(c)	0.0002	0.00005 - 0.0005	
Bacteria	Chloroflexi	unkn. Dehalococcoides(g)	0.0002	0.00001 - 0.0005	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Deltaproteobacteria(c)	0.0008	0.0002 - 0.002	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfovibrio(g)	0.001	0.0002 - 0.02	



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfovibrionaceae(f)	0.001	0.0003 - 0.005	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfovibrionales(o)	0.0007	0.0001 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Dialister(g)	0.23	0.07 - 0.39	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Dorea(g)	0.009	0.005 - 0.03	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Dysgonomonas(g)	0.0002	0.00000 - 0.0001	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Eggerthella(g)	0.005	0.0002 - 0.03	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Eggerthellaceae(f)	0.0005	0.0003 - 0.01	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Eggerthellales(o)	0.0002	0.00008 - 0.006	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Eisenbergiella(g)	0.0008	0.00007 - 0.0010	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Enorma(g)	0.0002	0.00002 - 0.002	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Enterobacterales(o)	0.0006	0.0002 - 0.006	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Enterobacteriaceae(f)	0.002	0.002 - 0.11	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Enterococcaceae(f)	0.0005	0.0001 - 0.0008	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Enterococcus(g)	0.0008	0.0002 - 0.002	
Bacteria	Tenericutes	unkn. Entomoplasmatales(o)	0.0001	0.00000 - 0.0001	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Epsilonproteobacteria(c)	0.0002	0.00003 - 0.0002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Erysipelatoclostridium(g)	0.001	0.0003 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Erysipelotrichaceae(f)	0.009	0.003 - 0.02	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Erysipelotrichales(o)	0.002	0.0004 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Erysipelotrichia(c)	0.0005	0.0002 - 0.0009	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Erythrobacter(g)	0.0001	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Erythrobacteraceae(f)	0.0006	0.00001 - 0.0001	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Escherichia(g)	0.001	0.002 - 0.003	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Eubacteriaceae(f)	0.02	0.004 - 0.02	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Eubacterium(g)	0.08	0.03 - 0.19	
Eukaryota	unkn. Eukaryota(d)	unkn. Eukaryota(d)	0.0010	0.00006 - 0.001	
Archaea	Euryarchaeota	unkn. Euryarchaeota(p)	0.0004	0.00004 - 0.0006	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Faecalibacterium(g)	1.11	0.40 - 2.61	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Faecalitalea(g)	0.0004	0.0001 - 0.001	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Finegoldia(g)	0.009	0.0007 - 0.07	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Firmicutes(p)	0.27	0.09 - 0.36	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Flavobacteriaceae(f)	0.0003	0.0004 - 0.001	▼
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Flavobacteriales(o)	0.0004	0.0002 - 0.0010	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Flavobacteriia(c)	0.0005	0.0002 - 0.0007	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Flavonifractor(g)	0.16	0.05 - 0.18	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Fusicatenibacter(g)	0.002	0.0002 - 0.003	
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Fusobacteriia(p)	0.0004	0.00009 - 0.0009	
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Fusobacteriaceae(f)	0.0008	0.0003 - 0.002	
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Fusobacteriales(o)	0.0004	0.00009 - 0.001	
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Fusobacteriia(c)	0.0002	0.00004 - 0.0005	
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Fusobacterium(g)	0.06	0.03 - 0.09	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Gammaproteobacteria(c)	0.002	0.0007 - 0.005	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Gemmiger(g)	0.20	0.04 - 0.94	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Geosporobacter(g)	0.0001	0.00001 - 0.0002	
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Gordonibacter(g)	0.0001	0.00005 - 0.005	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Granulicatella(g)	0.004	0.0004 - 0.01	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Haemophilus(g)	0.008	0.003 - 0.15	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Histophilus(g)	0.0002	0.00000 - 0.00005	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Holdemanella(g)	0.04	0.01 - 0.20	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Holdemania(g)	0.007	0.0010 - 0.02	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Hungateiclostridiaceae(f)	0.0006	0.0002 - 0.001	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Hungatella(g)	0.002	0.0009 - 0.004	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Hyphomicrobiaceae(f)	0.0002	0.00001 - 0.00006	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Intestinibacter(g)	0.0009	0.00002 - 0.007	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Intestinimonas(g)	0.003	0.003 - 0.01	
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Kluyvera(g)	0.0003	0.00000 - 0.0010	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lachnoanaerobaculum(g)	0.001	0.0001 - 0.02	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lachnoclostridium(g)	0.04	0.007 - 0.04	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lachnospira(g)	0.001	0.0001 - 0.002	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lachnospiraceae(f)	0.40	0.08 - 0.26	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lactobacillaceae(f)	0.0004	0.00005 - 0.0006	



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lactobacillales(o)	0.001	0.0004 - 0.005	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Lactobacillus(g)	0.001	0.00009 - 0.003	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Legionella(g)	0.0001	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Legionellaceae(f)	0.0002	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Leptotrichia(g)	0.0005	0.00001 - 0.02	■
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Leptotrichiaceae(f)	0.0003	0.00000 - 0.0008	■
Eukaryota	Basidiomycota	unkn. Malassezia(g)	0.0003	0.00 - 0.0002	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Mannheimia(g)	0.0002	0.00000 - 0.00003	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Marvinbryantia(g)	0.003	0.0005 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Massiliomicrobiota(g)	0.0009	0.00004 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Megamonas(g)	0.010	0.00005 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Megasphaera(g)	0.0003	0.0001 - 0.02	■
Archaea	Euryarchaeota	unkn. Methanomassiliicoccus(g)	0.002	0.0002 - 0.003	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Methylobacteriaceae(f)	0.002	0.00002 - 0.0001	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Methylobacterium(g)	0.003	0.00000 - 0.00006	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Methylobacterium(g)	0.0004	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Microbacteriaceae(f)	0.0001	0.00003 - 0.0002	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Micrococcales(o)	0.0001	0.0001 - 0.0007	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Microvirgula(g)	0.0001	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Mogibacterium(g)	0.001	0.00005 - 0.006	■
Bacteria	Tenericutes	unkn. Mollicutes(c)	0.0002	0.00002 - 0.0006	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Monoglobus(g)	0.001	0.0002 - 0.0010	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Mordavella(g)	0.0004	0.0003 - 0.001	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Muribaculaceae(f)	0.0002	0.00006 - 0.004	■
Bacteria	Tenericutes	unkn. Mycoplasma(g)	0.0001	0.00002 - 0.01	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Myxococcales(o)	0.0003	0.00006 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Negativicutes(c)	0.005	0.0009 - 0.006	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Neisseriales(o)	0.0001	0.00004 - 0.0006	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Nocardiaceae(f)	0.0001	0.00002 - 0.00008	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Novosphingobium(g)	0.0001	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Oceanospirillales(o)	0.0002	0.00004 - 0.0002	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Odoribacter(g)	0.01	0.005 - 0.01	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Odoribacteraceae(f)	0.008	0.003 - 0.007	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Olsenella(g)	0.0002	0.0001 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Oribacterium(g)	0.002	0.0001 - 0.01	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Ornithobacterium(g)	0.0003	0.0003 - 0.0010	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Orrella(g)	0.0002	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Oscillibacter(g)	0.37	0.03 - 0.41	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Oscillospiraceae(f)	0.04	0.008 - 0.07	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Oxalobacter(g)	0.001	0.0006 - 0.02	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Oxalobacteraceae(f)	0.0002	0.00005 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Paenibacillaceae(f)	0.0004	0.0001 - 0.0005	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Paenibacillus(g)	0.0003	0.00004 - 0.0002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Paenicostridium(g)	0.0003	0.00001 - 0.00008	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Paludibacter(g)	0.0002	0.00002 - 0.0001	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Parabacteroides(g)	0.09	0.14 - 0.63	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Paraburkholderia(g)	0.0001	0.00001 - 0.0001	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Paracoccus(g)	0.0001	0.00000 - 0.00005	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Paraprevotella(g)	0.0009	0.0009 - 0.04	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Parasutterella(g)	0.003	0.005 - 0.06	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Parvimonas(g)	0.0001	0.00002 - 0.002	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pasteurellaceae(f)	0.0002	0.00005 - 0.001	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pasteurellales(o)	0.0001	0.00003 - 0.0002	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Peptoanaerobacter(g)	0.0001	0.00000 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Peptococcaceae(f)	0.0003	0.0001 - 0.0005	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Peptoniphilaceae(f)	0.0006	0.0002 - 0.004	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Peptoniphilus(g)	0.0003	0.0003 - 0.02	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Peptostreptococcaceae(f)	0.004	0.0005 - 0.002	▲
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Petrimonas(g)	0.0002	0.00003 - 0.0007	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Phascolarctobacterium(g)	0.01	0.007 - 0.41	■
Bacteria	Planctomycetes	unkn. Planctomycetes(p)	0.0001	0.00003 - 0.0003	■





DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Porphyromonadaceae(f)	0.0009	0.0006 - 0.002	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Porphyromonas(g)	0.02	0.004 - 0.03	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Prevotella(g)	0.11	0.23 - 12.80	▼
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Prevotellaceae(f)	0.007	0.01 - 0.23	▼
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Propionibacterium(g)	0.0001	0.00000 - 0.00003	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Propionimicrobium(g)	0.0001	0.00001 - 0.00007	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Proteobacteria(p)	0.02	0.008 - 0.05	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Pseudoflavonifractor(g)	0.04	0.005 - 0.03	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pseudomonadaceae(f)	0.0007	0.00007 - 0.0009	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pseudomonadales(o)	0.0003	0.0001 - 0.0009	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pseudomonas(g)	0.0001	0.00003 - 0.002	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Ralstonia(g)	0.0003	0.00001 - 0.0003	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhizobiaceae(f)	0.0003	0.00004 - 0.0004	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhizobiales(o)	0.001	0.0002 - 0.001	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhodobacteraceae(f)	0.0002	0.00006 - 0.0004	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhodobacterales(o)	0.0002	0.00005 - 0.0004	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Rhodococcus(g)	0.007	0.00000 - 0.00002	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhodocyclales(o)	0.0001	0.00003 - 0.0002	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhodospirillales(o)	0.0005	0.00005 - 0.003	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Rikenellaceae(f)	0.11	0.01 - 0.15	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Robinsoniella(g)	0.004	0.0003 - 0.003	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Romboutsia(g)	0.004	0.00003 - 0.002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Roseburia(g)	1.60	0.13 - 0.50	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Roseomonas(g)	0.0001	0.00000 - 0.00001	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Rothia(g)	0.0002	0.00003 - 0.03	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Ruminiclostridium(g)	0.0005	0.0002 - 0.08	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Ruminococcaceae(f)	0.13	0.04 - 0.36	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Ruminococcus(g)	0.02	0.05 - 0.67	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Ruthenibacterium(g)	0.0007	0.0003 - 0.003	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Sanguibacteroides(g)	0.004	0.0002 - 0.006	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Selenomonadaceae(f)	0.001	0.0002 - 0.004	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Selenomonadales(o)	0.0004	0.0002 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Selenomonas(g)	0.0001	0.00005 - 0.006	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sinorhizobium(g)	0.0001	0.00000 - 0.00003	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Solobacterium(g)	0.001	0.00008 - 0.03	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Sphingobacterium(g)	0.0002	0.00003 - 0.0002	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sphingobium(g)	0.002	0.00001 - 0.00003	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sphingomonadaceae(f)	0.02	0.00007 - 0.0003	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sphingomonadales(o)	0.006	0.00006 - 0.0004	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sphingomonas(g)	0.02	0.00000 - 0.0002	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sphingopyxis(g)	0.001	0.00000 - 0.00003	▲
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Spirochaetaceae(f)	0.0002	0.00006 - 0.0003	■
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Spirochaetales(o)	0.0003	0.00007 - 0.0003	▲
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Spirochaetes(p)	0.0004	0.00010 - 0.0006	■
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Spirochaetia(c)	0.0002	0.00005 - 0.0002	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Stomatobaculum(g)	0.0005	0.00004 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Streptococcaceae(f)	0.0007	0.0003 - 0.004	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Streptococcus(g)	0.01	0.006 - 0.33	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Streptomycetaceae(f)	0.0002	0.00009 - 0.0004	■
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Streptomycetales(o)	0.0001	0.00008 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Subdoligranulum(g)	0.02	0.004 - 0.08	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sutterella(g)	0.02	0.0006 - 0.07	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sutterellaceae(f)	0.006	0.0003 - 0.02	■
Bacteria	Synergistetes	unkn. Synergistales(o)	0.0001	0.00008 - 0.0006	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Tannerella(g)	0.0001	0.0001 - 0.002	▼
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. Tannerellaceae(f)	0.007	0.009 - 0.02	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. Terrisporobacter(g)	0.0002	0.00000 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	unkn.	0.0001	0.00003 - 0.0001	■
Bacteria	Firmicutes	Thermoanaerobacteraceae(f)			
Bacteria	Firmicutes	unkn. Thermoanaerobacterales(o)	0.0002	0.00003 - 0.0002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Tissierellales(o)	0.0004	0.0002 - 0.002	■



DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Firmicutes	unkn. Tissierellia(c)	0.0001	0.0001 - 0.0009	■
Eukaryota	Apicomplexa	unkn. Toxoplasma(g)	0.0002	0.00 - 0.00	▲
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Treponema(g)	0.0010	0.00003 - 0.002	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Turicibacter(g)	0.0002	0.00002 - 0.0002	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Vagococcus(g)	0.009	0.0003 - 0.007	▲
Bacteria	Actinobacteria	unkn. Varibaculum(g)	0.0003	0.00001 - 0.0005	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Veillonella(g)	0.006	0.002 - 0.08	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. Veillonellaceae(f)	0.02	0.001 - 0.02	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. Veillonellales(o)	0.007	0.0005 - 0.006	▲
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Verrucomicrobia(p)	0.0002	0.00010 - 0.002	■
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Verrucomicrobiae(c)	0.0001	0.00004 - 0.0008	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Xanthomonadaceae(f)	0.0001	0.00005 - 0.0003	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Xanthomonadales(o)	0.0003	0.00007 - 0.0004	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Yersiniaceae(f)	0.0001	0.00002 - 0.0002	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn.	0.0002	0.00000 - 0.00010	▲
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria(c)(f)			
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn.	0.0002	0.00000 - 0.00008	▲
Bacteria	Firmicutes	Alphaproteobacteria(c)(g)			
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	unkn. unkn. Bacilli(c)(g)	0.0001	0.00000 - 0.00006	▲
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	unkn. unkn. Bacteria(d)(f)	0.003	0.001 - 0.005	■
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	unkn. unkn. Bacteria(d)(g)	0.008	0.004 - 0.02	■
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	unkn. unkn. Bacteria(d)(o)	0.0006	0.0003 - 0.001	■
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	unkn. unkn. Bacteria(d)(p)	0.0004	0.0001 - 0.001	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. unkn. Bacteroidales(o)(f)	0.003	0.002 - 0.005	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. unkn. Bacteroidales(o)(g)	0.008	0.008 - 0.02	▼
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. unkn. Bacteroidetes(p)(f)	0.0002	0.00009 - 0.0004	■
Bacteria	Bacteroidetes	unkn. unkn. Bacteroidetes(p)(g)	0.0002	0.0002 - 0.0007	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn.	0.0001	0.00000 - 0.00009	▲
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria(c)(f)			
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn.	0.0002	0.00000 - 0.00010	▲
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria(c)(o)			
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn. Burkholderiales(o)(f)	0.0002	0.0002 - 0.002	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn. Burkholderiales(o)(g)	0.0003	0.0004 - 0.006	▼
Bacteria	Candidatus	unkn. unkn. Candidatus	0.0001	0.00000 - 0.0008	■
Bacteria	Saccharibacteria	Saccharibacteria(p)(f)			
Bacteria	Candidatus	unkn. unkn. Candidatus	0.0002	0.00001 - 0.001	■
Bacteria	Saccharibacteria	Saccharibacteria(p)(g)			
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Clostridiaceae(f)(g)	0.0001	0.00002 - 0.0001	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Clostridiales Family XIII. Incertae Sedis(f)(g)	0.0006	0.00003 - 0.0008	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Clostridiales(o)(f)	0.01	0.005 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Clostridiales(o)(g)	0.02	0.008 - 0.03	■
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn.	0.0001	0.00 - 0.00000	▲
Bacteria	Firmicutes	Desulfuromonadales(o)(g)			
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn.	0.0007	0.0003 - 0.001	■
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichaceae(f)(g)			
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Eubacteriaceae(f)(g)	0.0002	0.00005 - 0.0002	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Firmicutes(p)(c)	0.002	0.002 - 0.02	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Firmicutes(p)(f)	0.007	0.01 - 0.13	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Firmicutes(p)(g)	0.01	0.03 - 0.26	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Firmicutes(p)(o)	0.004	0.004 - 0.05	▼
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn.	0.03	0.006 - 0.02	▲
Bacteria	Bacteroidetes	Lachnospiraceae(f)(g)			
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Marinifilaceae(f)(g)	0.0001	0.00000 - 0.00006	▲
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn.	0.0001	0.00001 - 0.0001	▲
Bacteria	Proteobacteria	Peptostreptococcaceae(f)(g)			
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn. Proteobacteria(p)(c)	0.0001	0.00001 - 0.0004	■
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn.	0.003	0.003 - 0.02	■
Bacteria	Proteobacteria	Ruminococcaceae(f)(g)			
Bacteria	Proteobacteria	unkn. unkn.	0.0004	0.00 - 0.00001	▲
Bacteria	Firmicutes	Sphingomonadaceae(f)(g)			
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Tissierellia(c)(f)	0.0001	0.00000 - 0.00003	▲



ISTITUTO DIAGNOSTICO  
**VARELLI**

NEGEDIA® Flora Gut  
eseguito in collaborazione con  
NEXT GENERATION DIAGNOSTIC Srl

Codice paziente: 6214faa9f5977d3adda01583

Nome paziente: MG0001

N/A

DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE DI RIFERIMENTO (%)	
Bacteria	Firmicutes	unkn. unkn. Veillonellaceae(f)(g)	0.0010	0.00002 - 0.001	==

\*IN ASSENZA DEL GENERE, INDICA IL GRUPPO TASSONOMICO RILEVATO

unkn: genere non identificato

f: famiglia

o: ordine

c: classe

p: phylum