

MICROBIOTA INTESTINALE

CODICE ANALISI: AD4VKWY3007M

Analisi richiesta:

INTESTINO AMPLICON

Tipologia campione:

Feci

Età:

57

Sesso:

Femminile

Data risultato:

12/03/2026

Microbiota intestinale è un test basato sull'analisi del microbioma intestinale con l'obiettivo di identificare le specie batteriche presenti (microbiota). Se presente, Microbiota intestinale rivela anche gli squilibri del microbioma (disbiosi) e fornisce raccomandazioni sulla dieta e sullo stile di vita per correggerli. Questo test fornisce un'analisi di sequenziamento di nuova generazione dell'intero gene batterico che codifica il 16S rRNA.

La composizione del microbiota di un individuo è unica e alcuni profili del microbioma sono stati associati a migliori condizioni di salute. Un microbiota sano è caratterizzato da un'elevata diversità di batteri e dalla stabilità nel tempo. L'analisi del microbioma batterico può aiutare a mantenere un buono stato di salute, nonché a prevenire o trattare malattie intestinali (ad esempio diarrea o colite ricorrente) o sistemiche (obesità, sindrome metabolica, ecc.)

COME FUNZIONA?

Il test del microbioma intestinale non ha valore diagnostico, ma rappresenta un'istantanea della componente batterica del microbiota intestinale al momento del prelievo. In base ai principali phyla, generi e specie rilevati, il referto identifica l'enterofirma del soggetto. Ogni enterotipo è correlato a una dieta prevalente e rappresenta un'indicazione della composizione di riferimento per il microbiota analizzato. Questi risultati vengono poi confrontati con i microbiomi di centinaia di individui sani (database di controllo). In questo modo, è possibile valutare se particolari generi batterici sono in eccesso rispetto alla media del database di controllo, al fine di identificare e caratterizzare situazioni di disbiosi.

Insieme ai risultati, vengono fornite raccomandazioni dietetiche, compresi probiotici e integratori alimentari per migliorare il regime dietetico. Queste indicazioni devono essere valutate da un professionista qualificato in base all'anamnesi generale del soggetto.

INFORMAZIONI GENERALI

I riquadri evidenziati con il colore verde rappresentano un valore ottimale del microbioma. I riquadri in rosso mostrano un valore che si discosta significativamente da quello ottimale, mentre quelli in giallo mostrano un valore neutro o intermedio, né ottimale né dannoso. I riquadri blu hanno semplicemente valore informativo.

INDICI

  INDICE DI EQUILIBRIO MICROBICO Disbiosi moderata	L'Indice di Equilibrio Microbico valuta la salute e la composizione del microbiota intestinale. Misura diversi parametri, tra cui la diversità, l'equilibrio tra batteri Gram+ e Gram-, i rapporti tra specie aerobiche/anaerobiche, Bacillota/Bacteroidota e Prevotella/Bacteroides, la presenza di Pseudomonadota, un gruppo spesso associato alla disbiosi, e una misura della similarità tra il microbioma di un individuo e una popolazione sana di riferimento.
  SIMILARITÀ Basso Paziente: 75.2%	Il valore di similarità suggerisce quanto un microbioma sia simile ad un altro microbioma di una popolazione sana di riferimento. I valori di similarità sono compresi in un range che va da 0% a 100%. 0% indica un campione senza alcuna similarità (nessun taxa in comune), mentre 100% indica una composizione tassonomica molto simile a un campione della popolazione sana di riferimento. Il valore di somiglianza deriva dalla metrica di divergenza Bray-Curtis.
 DIVERSITÀ Non disponibile o sequenziamento insufficiente	Il microbiota umano è composto da migliaia di specie batteriche. Questi microrganismi hanno un immenso potenziale metabolico, e i loro prodotti hanno un impatto sul nostro organismo. Un alto valore di diversità è indice di buona salute del microbiota. Questo valore fornisce informazioni circa la biodiversità dei batteri presenti nell'intestino al momento del campionamento.
  GRAM+ / GRAM- Nella media Paziente: 0.34 (Log10 Ratio) Popolazione: -0.037 ~ 1.48	Gram-positivi e gram-negativi sono gruppi di batteri che si distinguono per la composizione e la struttura della parete cellulare e della membrana. Un rapporto Gram moderato (inferiore a 10) è associato a un microbioma intestinale sano, mentre un rapporto Gram elevato è stato associato a malattie specifiche come il diabete.



AEROBI / ANAEROBI

Alto

Paziente: **-1.83 (Log10 Ratio)**

Popolazione: -4.80 ~ -2.09

I batteri aerobi, a differenza degli anaerobi, 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. Gli anaerobi obbligati si trovano principalmente nel nostro intestino, specialmente nel colon.



ENTEROSIGNATURE

Bacillota

Le enterosignature possono essere definite come un profilo microbico caratteristico che riflette aspetti compositivi e funzionali del microbioma intestinale. Sono state proposte cinque enterosignature: Prevotella, Bacteroides, Bifidobacterium, Bacillota ed Escherichia. Prevotella, Bacteroides e Bacillota sono le enterosegnature tipiche degli adulti.



BACILLOTA / BACTEROIDOTA

Nella media

Paziente: **0.80 (Log10 Ratio)**

Popolazione: 0.24 ~ 2.24

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



BACILLOTA + BACTEROIDOTA

Alto

Paziente: **15.2 (CLR)**

Popolazione: 9.51 ~ 14.5

La valutazione dell'abbondanza combinata di Bacillota e Bacteroidota, precedentemente noti come Firmicutes e Bacteroidetes, è fondamentale per l'interpretazione clinica del microbioma intestinale. Questi due phyla batterici sono i più abbondanti nel microbioma intestinale e svolgono ruoli fondamentali nella salute intestinale, influenzando la digestione, il metabolismo e la risposta immunitaria.



PREVOTELLA / BACTEROIDES

Nella media

Paziente: **0 (Log10 Ratio)**

Popolazione: -4.34 ~ 1.47

Un elevato rapporto Prevotella-Bacteroides (P/B) è spesso legato a diete ricche di fibre e alimenti di origine vegetale. Una maggiore abbondanza di Prevotella, e quindi un rapporto P/B più elevato, è stata associata a un migliore controllo glicemico. Inoltre, i soggetti con un rapporto P/B elevato hanno maggiori probabilità di perdere peso quando consumano una dieta ipocalorica ricca di fibre. Prevotella è più efficiente nella produzione di propionato, che bypassa la linea enterocitaria, entra nel circuito della gluconeogenesi epatica e contribuisce all'effetto saziante.



PSEUDOMONADOTA

Alto

Paziente: **10.2 (CLR)**
Popolazione: 2.76 ~ 8.37

I Pseudomonadota (precedentemente conosciuto proteobatteri) sono un phylum di batteri solitamente presenti nel microbioma intestinale in bassi livelli di abbondanza. Tuttavia, alcuni possono anche essere patogeni opportunistici e sono associati all'infiammazione intestinale. In questo contesto, alti livelli di Proteobatteri potrebbero indicare un'alterazione del microbioma intestinale.

NUTRIZIONE

FUNZIONI METABOLICHE E NUTRIZIONALI



DEGRADATORI DEL GLUTINE

Nella media

Paziente: **12.7 (CLR), 0.64%**
Popolazione: 9.08 ~ 13.9

Il glutine è una proteina che si trova nel grano, nella segale, nel farro, nell'orzo e in altri cereali. Questa proteina ha caratteristiche che la rendono difficile da digerire da parte degli enzimi umani. Diversi studi dimostrano che alcuni batteri intestinali possono contribuire alla digestione del glutine.



METABOLIZZATORI DI AMMINOACIDI

Nella media

Paziente: **13.3 (CLR), 1.17%**
Popolazione: 11.2 ~ 15.0

Gli alimenti che consumiamo contengono proteine e peptidi che possono essere idrolizzati in peptidi più piccoli o in amminoacidi e successivamente utilizzati dai batteri commensali nel nostro intestino. Esistono evidenze che il consumo di diete ad alto contenuto proteico influenzi il nostro microbioma intestinale.



METABOLIZZATORI DI CARBOIDRATI

Alto

Paziente: **16.4 (CLR), 37.3%**
Popolazione: 13.0 ~ 15.9

Rispetto ai batteri, possediamo un numero limitato di enzimi per digerire i carboidrati alimentari. In questo contesto, alcuni carboidrati complessi, in particolare i polisaccaridi non amidacei e l'amido resistente, vengono fermentati e degradati dal microbiota intestinale.



METABOLIZZATORI DI LIPIDI

Alto

Paziente: **16.1 (CLR), 19.2%**
Popolazione: 12.6 ~ 14.6

Il microbiota intestinale ha un impatto nella regolazione del metabolismo lipidico dell'ospite e dei livelli di lipidi. Questo include una varietà di molecole segnalatrici prodotte dai batteri intestinali, che esercitano effetti significativi sul metabolismo epatico dei lipidi e della bile, nonché sul trasporto del colesterolo, il dispendio energetico e la resistenza all'insulina.



DEGRADATORI DEL LATTOSIO

Molto basso

Paziente: **-0.63 (CLR), 0%**
Popolazione: 6.70 ~ 14.5

Il lattosio è uno zucchero comune presente nei prodotti lattiero-caseari che di solito viene digerito nell'intestino tenue e la cui intolleranza ha un background genetico. Tuttavia, alcuni batteri intestinali sono in grado di degradarlo grazie alla loro attività endogena di lattasi, soprattutto le specie appartenente ai 'Lactobacillus' e ai 'Bifidobacterium'.



RIDUTTORI DI GLUTATIONE

Nella media

Paziente: **12.7 (CLR), 0.64%**
Popolazione: 6.09 ~ 13.9

Il glutathione è una molecola antiossidante che viene sintetizzata dal nostro organismo utilizzando aminoacidi come la glicina. Il microbioma intestinale non produce glutathione. È stato osservato che la glicina può essere consumata dal microbiota, determinando così una carenza di glutathione. La diminuzione dei livelli di glutathione può contribuire allo sviluppo di alcune malattie legate all'intestino e alla neurodegenerazione.



OMEOSTASI DELL'OSSALATO

Molto basso

Paziente: **-0.63 (CLR), 0%**
Popolazione: 5.17 ~ 11.3

La maggior parte dei calcoli renali è costituita da ossalato di calcio, pertanto l'iperossaluria (eccesso di ossalato) è uno dei principali fattori di rischio di questa malattia renale. Mentre una parte dell'ossalato viene assorbita nell'intestino tenue ed escreta nelle urine, una parte significativa può essere metabolizzata dal microbioma intestinale, in particolare dai membri del genere Oxalobacter.



BATTERI ASSOCIATI AL MANTENIMENTO DEL PESO

Alto

Paziente: **16.4 (CLR), 25.6%**
Popolazione: 12.4 ~ 15.2

Diversi studi suggeriscono che i batteri intestinali potrebbero influenzare il mantenimento del peso ottimale. Di solito, un arricchimento generale uguale o superiore alla popolazione è benefico per la nostra salute. Alcuni batteri sono stati descritti come utili per contrastare l'insorgenza di obesità. I cambiamenti nell'abbondanza di questi microbi non si rifletteranno direttamente sul mantenimento di un peso corretto, poiché giocano un ruolo anche altri fattori come ad esempio l'esercizio fisico.



PRODUTTORI DI EQUOLO

Basso

Paziente: **-0.63 (CLR), 0%**
Popolazione: 5.73 ~ 14.2

I batteri produttori di equolo sono un tipo di batteri in grado di produrre equolo, che è un metabolita dell'isoflavone daidzeina della soia. Gli esseri umani non sintetizzano l'equolo, che viene prodotto da alcuni membri del microbioma intestinale. Si è visto che l'equolo riduce l'incidenza di disturbi estrogeno-dipendenti e associati all'invecchiamento (ad esempio, sintomi della menopausa nelle donne, osteoporosi, malattie cardiovascolari e cancro).

ACIDI GRASSI A CATENA CORTA



PRODUTTORI DI ENERGIA

Nella media

Paziente: **14.7 (CLR), 4.45%**
Popolazione: 12.0 ~ 15.2

Una parte della fibra indigeribile raggiunge il colon senza essere degradata dagli enzimi intestinali, dove i microrganismi la scompongono in conversioni metaboliche cruciali per l'ospite. Queste conversioni, che comportano la degradazione di proteine e polisaccaridi complessi strutturalmente diversi di origine animale e vegetale, forniscono all'organismo energia e nutrienti essenziali. La fermentazione di questi composti da parte del microbiota intestinale genera metaboliti come gli acidi grassi a catena corta, fondamentali per la salute del colon.



PRODUTTORI DI BUTIRRATO

Alto

Paziente: **16.4 (CLR), 25.9%**
Popolazione: 10.8 ~ 15.3

Il butirrato è un acido grasso a catena corta (SCFA) ed è uno dei principali prodotti generati dalla fermentazione microbica intestinale della fibra alimentare. La funzione più importante del butirrato è quella di essere una fonte di energia per i colonociti e di mantenere la salute dell'intestino umano.



PRODUTTORI DI ACETATO

Molto basso

Paziente: **-0.63 (CLR), 0%**

Popolazione: 9.43 ~ 14.5

L'acetato è l'acido grasso a catena corta (SCFA) più abbondante prodotto dalle reazioni di fermentazione del microbiota intestinale dei carboidrati, in particolare delle fibre alimentari. È legato all'omeostasi energetica dell'intero organismo, in quanto può essere utilizzato sia come fonte di energia sia per stimolare il metabolismo del colesterolo e la lipogenesi.



PRODUTTORI DI PROPIONATO

Alto

Paziente: **15.5 (CLR), 10.4%**

Popolazione: 9.87 ~ 15.0

Il propionato è un acido grasso a catena corta (SCFA) che è la principale fonte di energia per le cellule epiteliali intestinali. La sua presenza nell'intestino ha alcuni effetti sulla salute, come la riduzione dei livelli di colesterolo ed effetti antilipogenici. Inoltre, ha effetti antiproliferativi e di induzione dell'apoptosi in relazione al cancro.

STATO DI SALUTE

PRODUZIONE DI COMPOSTI SPECIFICI



PRODUTTORI DI SOLFURO DI IDROGENO (H₂S)

Nella media

Paziente: **11.6 (CLR), 0.21%**

Popolazione: 9.81 ~ 12.7

L'idrogeno solforato (H₂S) è prodotto dai batteri presenti nel nostro intestino e dalle cellule epiteliali. Si ritiene che sia una molecola di segnalazione rilevante in fisiologia, regolando diverse funzioni biologiche, tra cui alcuni aspetti del sistema circolatorio.



PRODUTTORI DI METANO

Nella media

Paziente: **-2.49 (CLR), 0%**

Popolazione: -3.48 ~ -1.49

I produttori di metano (metanogeni) sono un gruppo di microrganismi che possono produrre gas metano nell'intestino fermentando i carboidrati. I produttori di metano più noti nel microbioma intestinale sono i membri del dominio Archaea, in particolare i generi Methanobrevibacter e Methanosphaera. La produzione di metano nell'intestino è stata associata a malattie funzionali intestinali come costipazione e gonfiore.



PRODUTTORI DI ISTAMINA

Molto basso

Paziente: **-0.63 (CLR), 0%**
Popolazione: 5.98 ~ 13.2

L'istamina è una sostanza chimica creata dalle nostre cellule immunitarie e può essere prodotta anche da alcuni batteri. L'istamina aumenta il flusso sanguigno nella zona del corpo che prende di mira, in questo caso l'intestino. Questo provoca infiammazione e, di fatto, è stato dimostrato che l'istamina potrebbe favorire il dolore addominale, soprattutto nei pazienti affetti da malattie infiammatorie intestinali (IBD).

INTERAZIONI CON SOSTANZE TOSSICHE



TOSSICITÀ ALL'ALCOL

Medio

L'alcol (etanolo) viene metabolizzato in acetaldeide, una tossina coinvolta nelle malattie alcoliche. In presenza di etanolo, alcuni batteri producono il composto reattivo e tossico acetaldeide (dall'attività enzimatica dell'alcol deidrogenasi di questi batteri). Questo prodotto può legarsi a diversi enzimi e molecole con effetti negativi. Di conseguenza, aumentano le probabilità di sviluppare diverse malattie.

METABOLISMO DEL TRIPTOFANO



PRODUTTORI DI INDOLO

Alto

Paziente: **15.7 (CLR), 11.8%**
Popolazione: 9.81 ~ 14.7

I produttori di indolo sono un gruppo di batteri del microbioma intestinale in grado di produrre indolo attraverso il metabolismo del triptofano. Alcuni studi hanno dimostrato che l'indolo prodotto dai batteri intestinali può avere effetti benefici sull'ospite, come promuovere la funzione di barriera intestinale, ridurre l'infiammazione e modulare le risposte immunitarie.

NEUROTRASMETTITORI



PRODUTTORI DI GABA

Nella media

Paziente: **13.3 (CLR), 1.17%**
Popolazione: 6.80 ~ 14.6

I batteri produttori di GABA possono sintetizzare l'acido gamma-aminobutirrico (GABA), un neurotrasmettitore importante per la regolazione dell'attività cerebrale. Sebbene prodotto principalmente nel cervello, il GABA può essere prodotto anche nel microbioma intestinale per decarbossilazione del glutammato. Un aumento dei livelli di produttori di GABA potrebbe migliorare la motilità intestinale e ridurre l'infiammazione, l'ansia e i comportamenti depressivi.

REGOLAZIONE IMMUNITARIA



OMEOSTASI IMMUNITARIA

Nella media

Paziente: **-1.65 (Log10 Ratio)**
Popolazione: -3.06 ~ -1.14

La composizione del microbioma intestinale può influenzare la risposta del sistema immunitario e l'omeostasi immunitaria. Alcuni batteri producono acidi grassi a catena corta (SCFA), che hanno proprietà antinfiammatorie. Altri batteri gram-negativi sono altamente immunogeni grazie ai loro lipopolisaccaridi (LPS). Questo indice valuta il rapporto tra batteri pro-infiammatori e anti-infiammatori: maggiore il rapporto, maggiore la probabilità di infiammazione.



PERMEABILITÀ E ATTIVITÀ MUCOLITICA

Alto

Paziente: **14.8 (CLR), 4.98%**
Popolazione: 11.4 ~ 14.4

L'intestino è la più grande interfaccia tra l'ospite e l'ambiente del nostro corpo. In mezzo troviamo la barriera intestinale, che è essenziale per mantenere uno stato di salute ottimale. Questa barriera ha una costituzione mucosa e la sua alterazione perturba la permeabilità intestinale.



PRODUTTORI DI LPS

Alto

Paziente: **13.7 (CLR), 3.08%**
Popolazione: 8.09 ~ 11.7

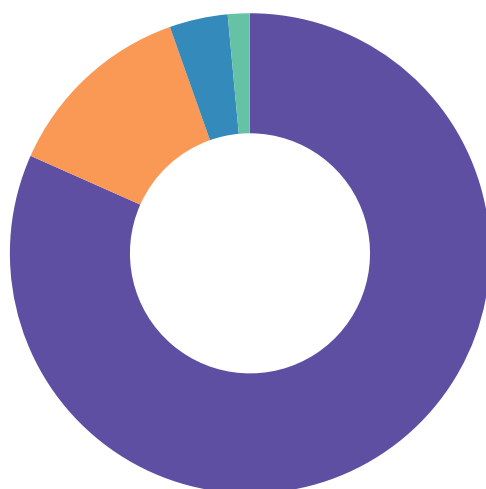
I lipopolisaccaridi (LPS) sono complessi chimici lipidi-polisaccaridi comunemente presenti nella membrana esterna dei batteri gram-negativi. È noto che queste molecole promuovano l'infiammazione intestinale e aumentino la permeabilità dell'intestino.

COMPOSIZIONE DEL MICROBIOMA

I grafici a torta illustrano la classificazione tassonomica del campione a livello di phyla e specie. I dati nel grafico a torta e nella tabella sono rappresentati in ordine decrescente, dai microrganismi presenti in maggiore abbondanza a quelli presenti in minore abbondanza.

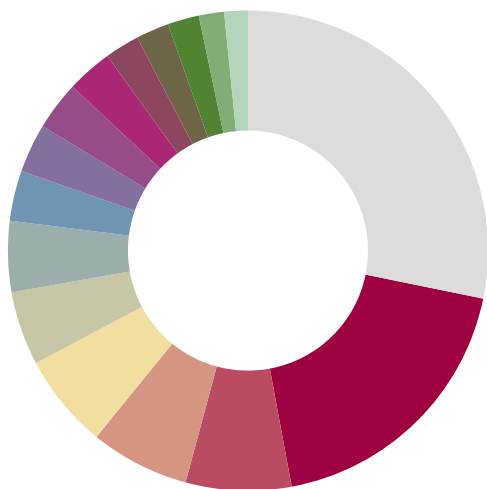
BATTERI

PHYLA



	PHYLUM	VALORE RILEVATO (%)	VALORE RILEVATO (CLR)	VALORI DI RIFERIMENTO (CLR)	RISULTATO
	Bacillota	81.7	14.22	8.93 ~ 13.47	Alto 
	Bacteroidota	12.9	12.38	5.83 ~ 11.39	Alto 
	Cyanobacteriota	3.92	11.18	-0.65 ~ 6.29	Alto 
	Pseudomonadota	1.48	10.21	2.76 ~ 8.37	Alto 
	Altri taxa	0			

SPECIE



	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE RILEVATO (CLR)	VALORI DI RIFERIMENTO (CLR)	RISULTATO
	Faecalibacterium prausnitzii	18.9	16.12	10.35 ~ 14.51	Alto 
	Waltera intestinalis	7.10	15.14	5.85 ~ 11.70	Alto 
	Agathobacter rectalis	6.68	15.08	-2.94 ~ 14.94	Alto 
	Alistipes putredinis	6.36	15.03	5.78 ~ 12.23	Alto 
	unkn. Christensenella(g)	4.98	14.79	5.15 ~ 11.12	Alto 
	Phascolarctobacterium faecium	4.77	14.74	6.52 ~ 13.25	Alto 
	Coprococcus eutactus	3.39	14.40	8.47 ~ 14.09	Alto 
	Fusicatenibacter saccharivorans	3.29	14.37	8.42 ~ 13.78	Alto 
	Lachnospira eligens	3.29	14.37	7.40 ~ 13.49	Alto 
	unkn. Waltera(g)	3.08	14.30	6.28 ~ 11.47	Alto 
	Waltera acetigignens	2.33	14.03	6.31 ~ 12.00	Alto 
	Homnicoprocola fusiformis	2.23	13.98	8.14 ~ 13.20	Alto 
	Parabacteroides distasonis	2.12	13.93	6.88 ~ 11.81	Alto 
	unkn. Gloeobacter(g)	1.70	13.71	4.76 ~ 10.63	Alto 
	Blautia faecis	1.59	13.64	9.91 ~ 13.66	Nella media 
	Altri taxa	28.2			

ARCHAEA

SPECIE

Nessuno riportato sopra lo 0.0001%

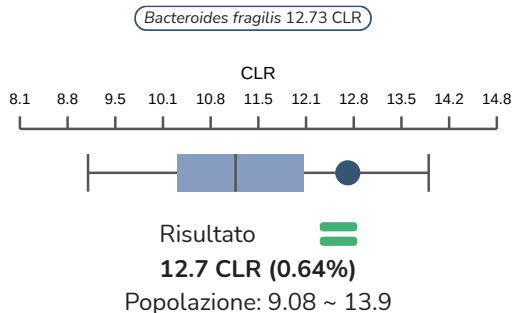
NUTRIZIONE

LEGENDA

- | | | | |
|---|-------------------|---|-------------------|
| ⤴ | Molto alto | ■ | Favorevole |
| ⤵ | Alto | ■ | Neutro |
| ▬ | Nella media | ■ | Sfavorevole |
| ⤶ | Basso | ■ | Non significativo |
| ⤷ | Molto basso | | |
| ○ | Non significativo | | |

FUNZIONI METABOLICHE E NUTRIZIONALI

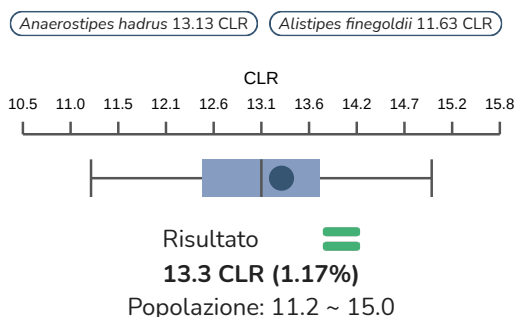
DEGRADATORI DEL GLUTINE



La sequenza aminoacidica del glutine gli conferisce resistenza all'idrolisi da parte degli enzimi digestivi umani. Questo si traduce in una digestione parziale della proteina, che produce peptidi relativamente grandi che possono comportarsi come antigeni e promuovere l'attivazione di processi infiammatori. Le persone che soffrono di celiachia sviluppano un'intolleranza alle proteine del glutine, che provoca una risposta immunitaria infiammatoria e la produzione di anticorpi contro il glutine e la transglutaminasi tissutale. Ci sono alcuni batteri del microbiota che possono aiutarci nella digestione del glutine. Le malattie e le intolleranze associate alla 'gluten sensitivity' possono causare sintomi come dolore addominale, diarrea, nausea, intolleranza al lattosio e perdita di peso.

RIFERIMENTI: DOI:10.1038/NRGASTRO.2015.90, DOI:10.3390/NU11102375, DOI:10.1111/1574-6941.12295, DOI:10.1016/B978-0-12-401716-0.00013-1, DOI:10.1017/S0007114515002767, DOI:10.4161/19490976.2014.969635, DOI:10.1001/JAMA.2017.9730

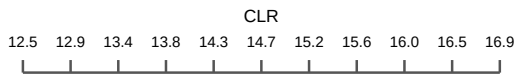
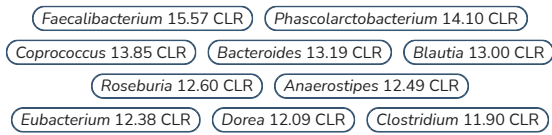
METABOLIZZATORI DI AMMINOACIDI



Alcuni batteri possono utilizzare gli aminoacidi provenienti dal cibo per la sintesi proteica e il metabolismo energetico nel colon e nell'intestino crasso. Per esempio, un aumento dell'abbondanza degli aminoacidi essenziali lisina e treonina derivati dal microbiota intestinale è stato osservato nelle diete alimentari ricche di azoto. L'assunzione di proteine può modulare il microbiota. In questo contesto, il controllo dell'assunzione di proteine avrà un impatto diretto sulle vie metaboliche dei batteri intestinali, spostandosi verso la fermentazione delle proteine. Quando gli aminoacidi vengono fermentati dal microbiota intestinale, vengono prodotti metaboliti primari e secondari (ad esempio ammoniaca, composti fenolici e indolici) che si pensa abbiano un effetto tossico sul lume del colon, essendo legati a diversi disturbi intestinali come la colite ulcerosa e il cancro colorettale. L'effetto sull'organismo delle diete ad alto contenuto proteico necessita di ulteriori ricerche, poiché esistono casi, come gli atleti professionisti, di individui che si alimentano con alte percentuali di proteine e risultano comunque avere corretti assetti di microbioma intestinale.

RIFERIMENTI: DOI:10.1007/S00726-017-2493-3, DOI:10.2741/3820, DOI:10.1093/JN/130.7.1857S, DOI:10.3390/NU7042930, DOI:10.1038/S41551-019-0397-0, DOI:10.1080/19490976.2016.1270809

METABOLIZZATORI DI CARBOIDRATI

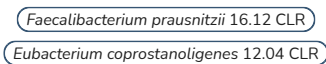


Risultato
16.4 CLR (37.3%)
 Popolazione: 13.0 ~ 15.9

La degradazione e la fermentazione dei carboidrati hanno un impatto sulla salute dell'intestino. I carboidrati complessi (fibre alimentari) sono metabolizzati in acidi grassi a catena corta (SCFA) dal microbiota del colon. Gli SCFA diminuiscono il pH luminale, modulando così l'assorbimento metabolico e la composizione del microbiota. L'enterotipo Prevotella è associato a diete ad alto contenuto di fibre. Un aumento dei batteri produttori di butirato nel microbioma intestinale è stato osservato nelle diete ad alto contenuto di carboidrati. Inoltre, il microbiota intestinale può influenzare l'espressione genica dell'ospite in tessuti come il fegato e i tessuti adiposi modificando la lipogenesi e la gluconeogenesi.

RIFERIMENTI: DOI:10.1097/MCO.0B013E3283619E63, DOI:10.1097/MCO.0B013E32833A8B60, DOI:10.1080/19490976.2016.1270809

METABOLIZZATORI DI LIPIDI



Risultato
16.1 CLR (19.2%)
 Popolazione: 12.6 ~ 14.6

Le diete ed in particolare i lipidi contenuti negli alimenti possono modulare la fisiologia dell'individuo e il suo microbiota intestinale. Le diete ad alto contenuto di grassi sono correlate con l'enterotipo Bacteroides e ad un transito intestinale rallentato. Inoltre, le diete ad alto contenuto di grassi sembrano facilitare la traslocazione dei lipopolisaccaridi batterici (LPS) dopo essere stati dissolti in micelle lipidiche, contribuendo così a generare stati infiammatori nell'organismo. Una dieta ricca di grassi provoca un aumento dei trigliceridi e del colesterolo circolanti da parte del microbiota intestinale. Non tutti i grassi hanno lo stesso effetto; i grassi derivati dalla carne promuovono una maggiore disfunzione metabolica rispetto ai grassi derivati dal pesce.

RIFERIMENTI: DOI:10.1007/S11154-019-09512-0, DOI:10.1080/19490976.2016.1270809, DOI:10.1097/MOL.0000000000000278

DEGRADATORI DEL LATTOSIO

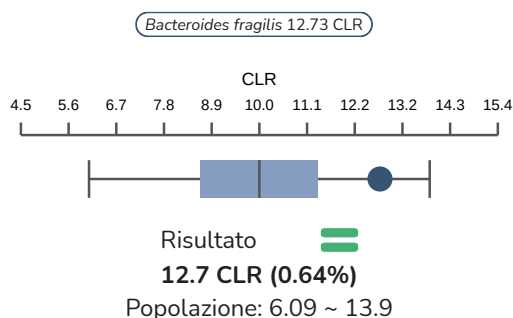


Risultato
-0.63 CLR (0%)
 Popolazione: 6.70 ~ 14.5

L'intolleranza al lattosio è dovuta ad un malassorbimento del lattosio causato dalla carenza dell'enzima lattasi o da una riduzione della sua attività enzimatica. Un'assunzione regolare di lattosio può portare a un maggiore metabolismo batterico del lattosio non digerito e a una maggiore tolleranza. I microrganismi coinvolti nella digestione del lattosio codificano l'enzima beta-galattosidasi che idrolizza il lattosio a glucosio e galattosio. Questi due prodotti vengono a loro volta fermentati per produrre acido lattico. Senza i batteri che digeriscono il lattosio, questo zucchero risulta disponibile per essere fermentato da altri batteri che producono gas e quindi gonfiore addominale, meteorismo e crampi.

RIFERIMENTI: DOI:10.1093/AJCN/NQZ104, DOI:10.3390/NU11040886, DOI:10.1155/2010/649312, DOI:10.3390/NU10121994, DOI:10.3390/NU10101517

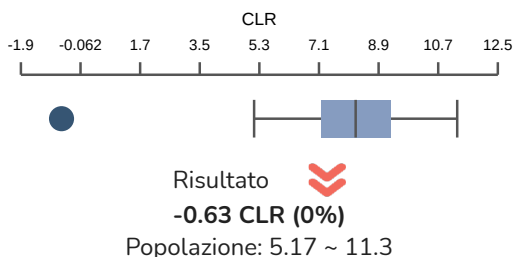
RIDUTTORI DI GLUTATIONE



Il glutathione è una molecola antiossidante che viene sintetizzata dal nostro organismo utilizzando aminoacidi come la glicina. Il microbioma intestinale non produce glutathione. È stato osservato che la glicina può essere consumata dal microbiota, determinando così una carenza di glutathione. La diminuzione dei livelli di glutathione può contribuire allo sviluppo di alcune malattie legate all'intestino e alla neurodegenerazione.

RIFERIMENTI: 10.1016/J.JARE.2021.09.005, 10.15252/MSB.20156487, 10.1016/J.REDOX.2018.01.009

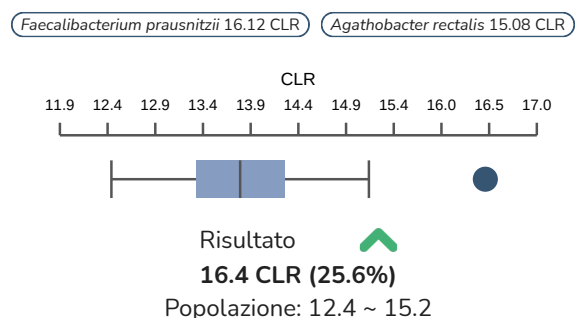
OMEOSTASI DELL'OSSALATO



La maggior parte dei calcoli renali è costituita da ossalato di calcio, pertanto l'iperossaluria (eccesso di ossalato) è uno dei principali fattori di rischio di questa malattia renale. Mentre una parte dell'ossalato viene assorbita nell'intestino tenue ed escreta nelle urine, una parte significativa può essere metabolizzata dal microbioma intestinale, in particolare dai membri del genere Oxalobacter.

RIFERIMENTI: 10.21037/ATM.2016.12.70, 10.1007/S00240-016-0952-Z

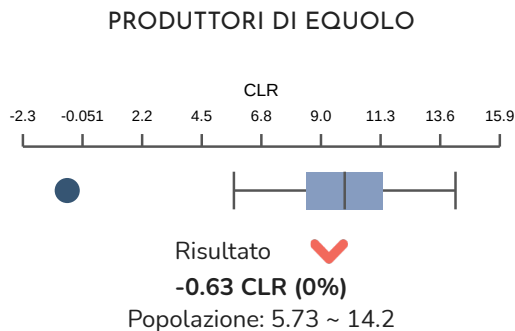
BATTERI ASSOCIATI AL MANTENIMENTO DEL PESO



Diversi studi suggeriscono che i batteri intestinali potrebbero influenzare in un certo modo il mantenimento del peso ottimale. Di solito, un arricchimento generale uguale o superiore alla popolazione è benefico per la nostra salute. Alcuni batteri sono stati descritti come utili per contrastare l'insorgenza di obesità. Un esempio è Akkermansia muciniphila, che è coinvolta nel metabolismo del glucosio e dei lipidi, nonché nel mantenimento del trofismo della barriera intestinale. I cambiamenti nell'abbondanza di questi microbi non si rifletteranno direttamente sul mantenimento di un peso corretto, poiché, per questo aspetto, giocano un ruolo anche altri fattori, come ad esempio l'esercizio fisico.

RIFERIMENTI: CASTANER, O., GODAY, A., PARK, Y. M., LEE, S. H., MAGKOS, F., SHIOW, S., & SCHRÖDER, H. (2018). THE GUT MICROBIOME PROFILE IN OBESITY: A SYSTEMATIC REVIEW. INTERNATIONAL JOURNAL OF ENDOCRINOLOGY, 2018, 4095789. DOI:10.1155/2018/4095789, CLARKE, S. F., MURPHY, E. F., NILAWEERA, K., ROSS, P. R., SHANAHAN, F., O'TOOLE, P. W., & COTTER, P. D. (2012). THE GUT MICROBIOTA AND ITS RELATIONSHIP TO DIET AND OBESITY: NEW INSIGHTS. GUT MICROBES, 3(3), 186–202. DOI:10.4161/GMIC.20168, ANDOH, A., NISHIDA, A., TAKAHASHI, K., INATOMI, O., IMAEDA, H., BAMBA, S., ... KOBAYASHI, T. (2016). COMPARISON OF THE GUT MICROBIAL COMMUNITY BETWEEN OBESE AND LEAN PEOPLES USING 16S GENE SEQUENCING IN A JAPANESE POPULATION. JOURNAL OF CLINICAL BIOCHEMISTRY AND NUTRITION, 59(1), 65–70. DOI:10.3164/JCBN.15-152, NAITO, Y., UCHIYAMA, K., & TAKAGI, T. (2018). A NEXT-GENERATION BENEFICIAL MICROBE: AKKERMANSIA MUCINIPHILA. JOURNAL OF CLINICAL BIOCHEMISTRY AND NUTRITION, 63(1), 33–35. DOI:10.3164/JCBN.18-57

OMEOSTASI DELL'EQUOLO

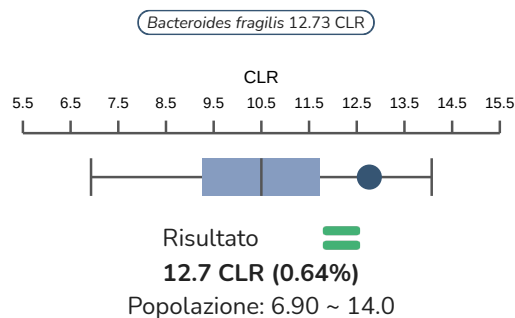


I batteri produttori di equolo sono un tipo di batteri in grado di produrre equolo, che è un metabolita dell'isoflavone daidzeina della soia. Gli esseri umani non sintetizzano l'equolo, che viene prodotto da alcuni membri del microbioma intestinale. Si è visto che l'equolo riduce l'incidenza di disturbi estrogeno-dipendenti e associati all'invecchiamento (ad esempio, sintomi della menopausa nelle donne, osteoporosi, malattie cardiovascolari e cancro).

RIFERIMENTI: 10.3390/NU11092231

VITAMINE

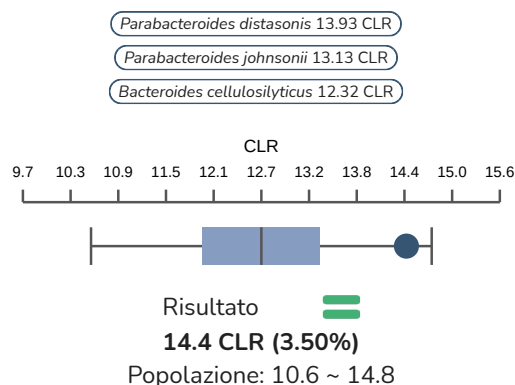
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA K



La vitamina K è una molecola liposolubile presente in due forme: il fillochinone (K1) e il menachinone (K2). Mentre il fillochinone è abbondante in diverse verdure, il menachinone ha un'origine microbica ed è presente negli alimenti fermentati. Entrambe le forme di vitamina K sono coinvolte nella regolazione della coagulazione del sangue e nella formazione e nel mantenimento delle ossa, anche se nell'osso è utilizzato preferenzialmente il menachinone. La concentrazione di vitamina K nei neonati è molto bassa a causa del microbioma intestinale immaturo e della mancanza di consumo di alimenti ricchi di vitamina K. Le cause più frequenti di carenza di vitamina K sono il ridotto apporto con la dieta, l'assorbimento inadeguato (per esempio dovuto all'alcolismo) e la diminuzione del suo immagazzinamento dovuto alla presenza di patologie epatiche; può tuttavia essere dovuta anche alla ridotta produzione intestinale di vitamina K2. I sintomi dovuti alla carenza di vitamina K includono ecchimosi, petecchie, lividi dovuti a una coagulazione più lenta, dolori addominali, alopecia, rischio di emorragie, mestruazioni abbondanti, calcificazione delle cartilagini, malformazioni ossee durante la crescita e deposito di calcio nei vasi sanguigni.

RIFERIMENTI: DOI:10.1081/E-EDS-120022055, DOI:10.1038/JP.2016.30, DOI:10.1111/JTH.13217

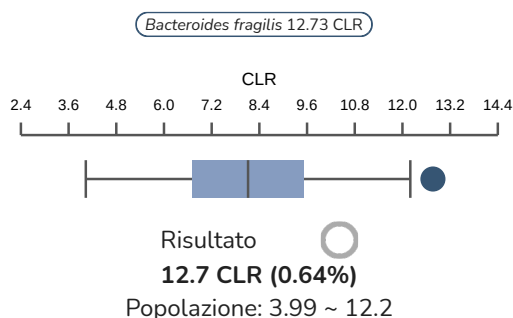
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B9



La vitamina B9 è una molecola idrosolubile che non può essere sintetizzata dall'organismo, quindi deve essere fornita assumendo alimenti di origine animale (ad esempio il fegato), legumi, verdure a foglia verde, alcuni frutti e noci. Tuttavia, questa vitamina può essere prodotta da diversi batteri presenti nell'intestino, ad esempio 'Bifidobacterium'. È dimostrato che la concentrazione di folato diminuisce dopo l'esposizione al sole, poiché la radiazione ultravioletta solare (UV) lo degrada. Negli adulti, la carenza di folati si manifesta con l'anemia. Inoltre, nelle donne in gravidanza, la carenza di folato potrebbe portare a difetti nello sviluppo del tubo neurale (NTD) durante i primi mesi di gravidanza e i suoi sintomi associati includono problemi fisici come paralisi, cecità e problemi neurologici come disabilità intellettuale.

RIFERIMENTI: DOI:10.1111/J.1753-4887.2012.00485.X, DOI:10.1007/S12161-016-0647-7, DOI:10.1016/J.JPHOTOBIO.2018.10.012

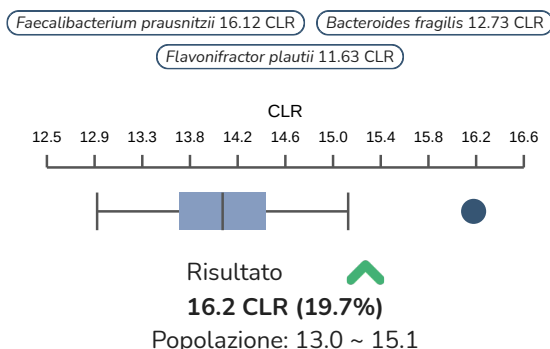
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA H



La vitamina H è una molecola solubile in acqua e alcol presente in alcuni alimenti ad esempio uova, latte, banane, sardine o funghi. Può anche essere sintetizzata nel microbioma intestinale da specie di *Lactobacillus*. Il suo ruolo di coenzima in alcune carbossilasi rende la vitamina H un fattore chiave per specifiche fasi del metabolismo, ma anche per la regolazione genica attraverso meccanismi epigenetici. La carenza di biotina potrebbe essere causata dall'alcolismo o da un elevato consumo di albume d'uovo, che contiene alti livelli di avidina, una proteina che si lega strettamente alla biotina. La sua carenza può causare l'insorgenza di alcuni disturbi clinici come ad esempio: perdita di pigmento e la caduta dei capelli, eruzioni cutanee rosse, depressione.

RIFERIMENTI: DOI:10.2174/1389557516666160725095729, DOI:10.1159/000462981, DOI:10.1080/14728214.2018.1463370

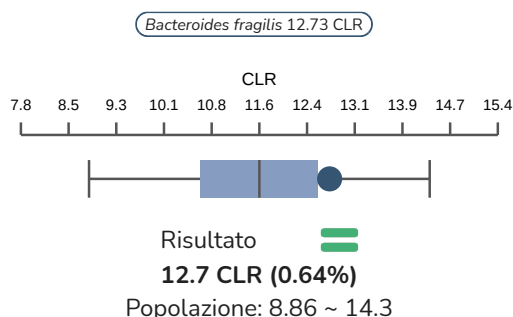
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B12



La vitamina B12 è presente principalmente negli alimenti di origine animale come carne, pesce o latte. È sintetizzata solo da alcuni batteri e archei. Questa vitamina è una molecola idrosolubile con ruoli essenziali per la funzionalità del cervello e del sistema nervoso, per la formazione delle cellule 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 intellettive. La forma artificiale di vitamina B12 usata in alcuni integratori alimentari è chiamata cianocobalamina.

RIFERIMENTI: DOI:10.1186/S12934-017-0631-Y, DOI:10.1007/S00253-001-0902-7

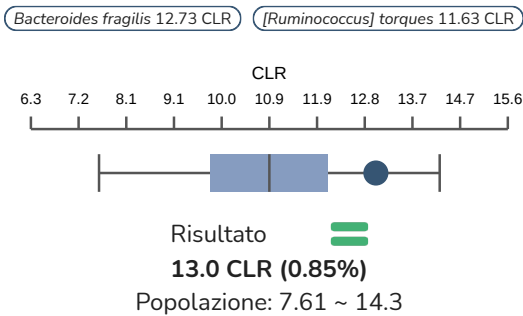
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B2



La vitamina B2 (Riboflavina) 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 carboidrati, aminoacidi e lipidi in energia (ATP). La funzione antiossidante della vitamina B2 gioca un ruolo importante nella protezione degli occhi (specialmente la cornea) e nella prevenzione dello stress ossidativo. Alcune malattie come l'ipotiroidismo potrebbero causare una carenza di riboflavina. Inoltre, gli alcolisti o gli anoressici sono più inclini ad avere anche 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 è causa di eclampsia, una malattia che può avere esiti fatali per la madre e il feto.

RIFERIMENTI: DOI:10.1146/ANNUREV.MICRO.58.030603.123615, DOI:10.1017/S0007114514000178, DOI:10.1017/CBO9781107415324.004

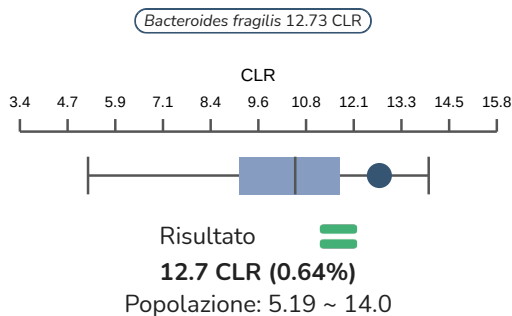
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B5



La vitamina B5 fa parte del coenzima A (CoA), un cofattore coinvolto in una moltitudine di reazioni enzimatiche e principalmente legato al metabolismo di carboidrati, proteine e lipidi. È presente in diversi alimenti come fegato, reni, uova, pesce o latte. Aiuta a combattere la fatica 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 l'eccessivo consumo di alcol che rende difficile l'assorbimento della vitamina. A causa del suo ruolo importante nella sintesi dei grassi, alcuni studi suggeriscono un'influenza positiva della vitamina B5 sul colesterolo e i trigliceridi.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.BBRC.2020.05.015, DOI:10.2147/VHRM.S57116

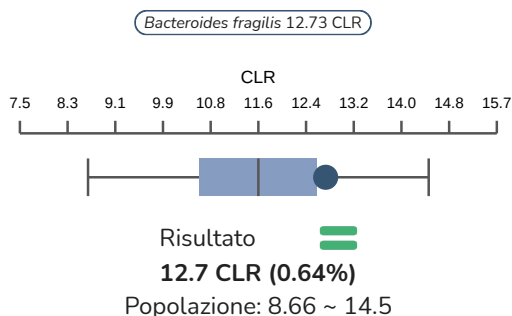
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B1



La vitamina B1 (tiamina) è una vitamina idrosolubile che svolge un ruolo importante nel metabolismo del piruvato, nella conduzione del segnale nervoso e nella fornitura di energia. Deriva principalmente da fonti alimentari ed è assorbita attraverso l'intestino. Ci sono alcuni batteri che possono sintetizzare la tiamina nell'intestino dai precursori tiamina pirofosfato (TPP) e tiazolo, entrambi identificati nel caffè, arachidi tostate, manzo o pollo cotto e patate al forno. La carenza di vitamina B1 deriva da diete povere di vitamine 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 una patologia chiamata beriberi, che a sua volta si differenzia in 'beriberi umido' che ha un effetto sul sistema cardiovascolare, e 'beriberi secco' (chiamato anche sindrome di Wernicke-Korsakoff) che ha un effetto sul sistema nervoso.

RIFERIMENTI: DOI:10.3181/00379727-144-37642, DOI:10.1128/MSYSTEMS.00116-17, DOI:10.1016/C2009-0-02724-X

BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B6

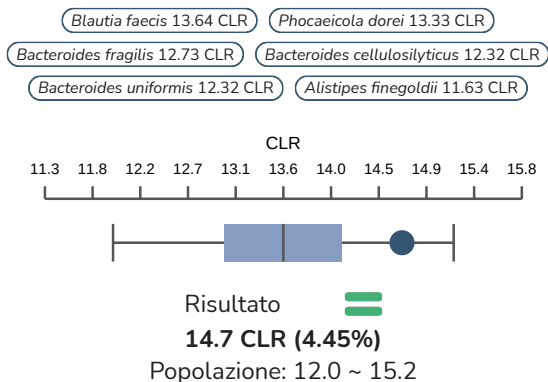


La vitamina B6 è una molecola idrosolubile che non può essere sintetizzata dall'organismo. Pertanto, deve essere assunta da fonti alimentari come il pesce (specialmente salmone e tonno), legumi o carne. Alcuni gruppi di batteri possono anche sintetizzarla nel nostro intestino. Un eccesso di vitamina B6 potrebbe causare mal di stomaco e alterazioni sensoriali. Al contrario, una carenza di vitamina B6 causa danni vascolari, danni alle mucose orali come le ulcere e infiammazioni alle labbra. Inoltre, ci potrebbero essere sintomi neurologici come irritabilità, depressione e stato confusionale. Alterazioni della funzionalità renale o epatica o l'alcolismo sono cause di carenza di vitamina B6.

RIFERIMENTI: ISBN:1420029665, DOI:10.1016/J.BIOTECHADV.2016.11.004, DOI:10.1002/JIMD.12060

ACIDI GRASSI A CATENA CORTA

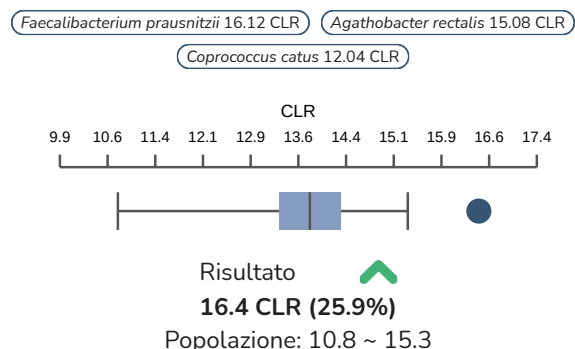
PRODUTTORI DI ENERGIA



Una parte della fibra indigeribile raggiunge il colon senza essere degradata dagli enzimi intestinali, dove i microrganismi la scompongono in conversioni metaboliche cruciali per l'ospite. Queste conversioni, che comportano la degradazione di proteine e polisaccaridi complessi strutturalmente diversi di origine animale e vegetale, forniscono all'organismo energia e nutrienti essenziali. La fermentazione di questi composti da parte del microbiota intestinale genera metaboliti come gli acidi grassi a catena corta, fondamentali per la salute del colon.

RIFERIMENTI: 10.1038/S42255-018-0017-4, 10.1194/JLR.R036012

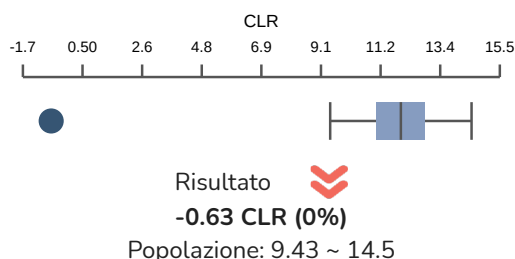
PRODUTTORI DI BUTIRRATO



I produttori di butirrato sono anaerobi rigorosi e svolgono un metabolismo fermentativo a partire da carboidrati non digeribili. È coinvolto nell'espressione genica, nell'infiammazione, nella differenziazione cellulare e nell'apoptosi. Il butirrato è essenziale per i colonociti in quanto è la loro principale fonte di energia. Il metabolismo del butirrato da parte dei colonociti consuma grandi quantità di ossigeno, portando a uno stato di ipossia che mantiene l'equilibrio dell'ossigeno nell'intestino e previene la disbiosi del microbiota intestinale guidata dall'espansione dei batteri anaerobi facoltativi. Il butirrato ha anche un'attività antiproliferativa sulle cellule del cancro del colon, inducendo l'apoptosi. Inoltre, il butirrato regola i livelli di glucosio attivando la gluconeogenesi intestinale. È sempre più evidente che una bassa abbondanza di produttori di butirrato è correlata a individui prediabetici e obesi.

RIFERIMENTI: DOI:10.1111/J.1574-6968.2009.01514.X, DOI:10.1038/SMEJ.2011.109, DOI:10.1136/BJM.K2179, DOI:10.3390/NU10101499, DOI:10.1007/S11892-013-0409-5, DOI:10.1111/J.1365-2036.2007.03562.X, DOI:10.1093/ADVANCES/NMX009

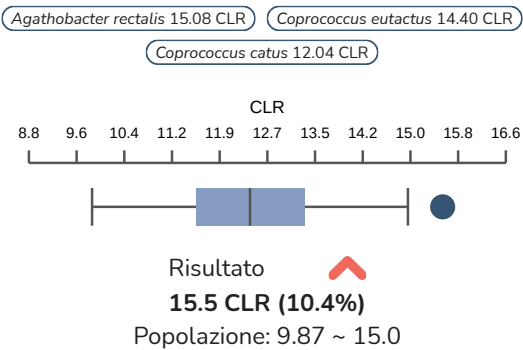
PRODUTTORI DI ACETATO



Insieme al butirrato e al propionato, l'acetato è un acido grasso a catena corta (SCFA). Viene in parte consumato da alcuni batteri luminali, che a loro volta ne convertono una parte in butirrato. Tuttavia, la maggior parte dell'acetato sfugge ai batteri luminali e raggiunge i tessuti periferici che lo utilizzeranno per il loro metabolismo. L'acetato può essere utilizzato dai tessuti periferici per il metabolismo del colesterolo e la lipogenesi. Inoltre, regola la secrezione di leptina, regolando così il bilancio energetico e inibendo la fame. D'altra parte, livelli eccessivi di acetato nelle diete ad alto contenuto di grassi sono stati correlati alla secrezione di insulina stimolata dal glucosio, con conseguente obesità e insulino-resistenza.

RIFERIMENTI: DOI:10.1097/MCO.0B013E32833A8B60, DOI:10.1038/NREND.2015.128, DOI:10.1080/19490976.2015, DOI:10.1079/PNS2002207, DOI:10.1042/BJ1420401, DOI:10.1038/NATURE18309

PRODUTTORI DI PROPIONATO



I produttori di propionato hanno come substrato carboidrati non digeribili trasformati principalmente attraverso le vie del succinato, del propandiole e dell'acrilato, a seconda della struttura dello zucchero, e peptidi e aminoacidi attraverso la loro fermentazione. Questa molecola può raggiungere altre parti del corpo, come il fegato. Il ruolo di inibizione che il propionato svolge nella sintesi lipidica epatica è la riduzione dell'incorporazione dell'acetato nei trigliceridi e nel colesterolo, diminuendo le loro concentrazioni nel sangue. Inoltre, il propionato induce la gluconeogenesi intestinale e influenza il comportamento di assunzione di cibo, aumentando la sazietà. D'altra parte, livelli eccessivi di propionato sono stati associati a un graduale aumento di peso e all'insulino-resistenza a lungo termine. È stato inoltre dimostrato che il propionato svolge un ruolo nel ridurre l'infiammazione e la proliferazione delle cellule tumorali del colon.

RIFERIMENTI: DOI:10.1111/J.1467-3010.2008.00706.X, DOI:10.1111/J.1753-4887.2011.00388.X, DOI:10.1136/GUT.35.1_SUPPL.S35, DOI:10.1038/ISMEJ.2014.14, DOI:10.1038/BJC.2012.409



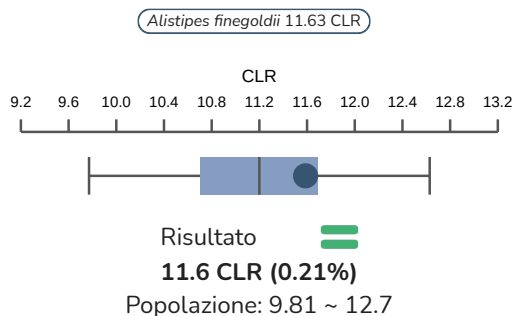
STATO DI SALUTE

LEGENDA

- | | | | |
|---|-------------------|---|-------------------|
| ⤴ | Molto alto | ■ | Favorevole |
| ⤵ | Alto | ■ | Neutro |
| ▬ | Nella media | ■ | Sfavorevole |
| ⤶ | Basso | ■ | Non significativo |
| ⤷ | Molto basso | | |
| ○ | Non significativo | | |

PRODUZIONE DI COMPOSTI SPECIFICI

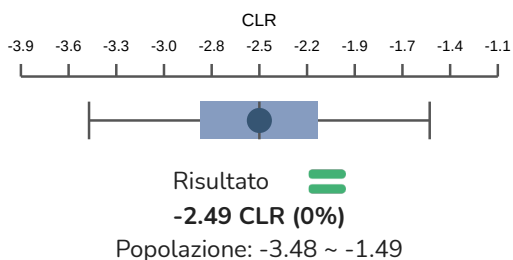
PRODUTTORI DI SOLFURO DI IDROGENO (H₂S)



All'idrogeno solforato (H₂S) sono state attribuite diverse funzioni. Attualmente viene utilizzato per il trattamento clinico dell'infiammazione, della trombosi e del cancro poiché è un antitrombotico e un modulatore dell'infiammazione. Nel microbioma intestinale, l'H₂S può ridurre l'infiammazione della mucosa e promuovere la riparazione dei danni ai tessuti. Diversi studi hanno dimostrato che l'H₂S è un mediatore positivo nel sistema circolatorio: fornisce un effetto cardioprotettivo, diminuisce la pressione sanguigna, diminuisce la frequenza cardiaca e causa vasodilatazione. Tuttavia, livelli eccessivi possono essere tossici e provocare un aumento dell'infiammazione. Seguire una dieta ricca di solfati (ad esempio, cavoli, cipolle e funghi) può aumentare l'abbondanza di produttori di idrogeno solforato.

RIFERIMENTI: DOI:10.3390/MOLECULES21111558, DOI:10.1089/ARS.2011.4351, DOI:10.1152/AJPCCELL.00329.2016, DOI:10.1097/MCO.0000000000000526, DOI:10.3390/MICROORGANISMS3040866, DOI:10.1016/J.JARE.2020.03.003

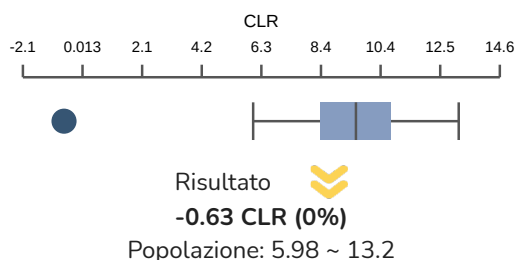
PRODUTTORI DI METANO



I produttori di metano (metanogeni) sono un gruppo di microrganismi che possono produrre gas metano nell'intestino fermentando i carboidrati. I produttori di metano più noti nel microbioma intestinale sono i membri del dominio Archaea, in particolare i generi Methanobrevibacter e Methanosphaera. La produzione di metano nell'intestino è stata associata a malattie funzionali intestinali come costipazione e gonfiore.

RIFERIMENTI: 10.1016/J.JFF.2022.105367

PRODUTTORI DI ISTAMINA



L'istamina è una sostanza chimica creata dalle nostre cellule immunitarie e può essere prodotta anche da alcuni batteri. L'istamina aumenta il flusso sanguigno nella zona del corpo che prende di mira, in questo caso l'intestino. Questo provoca infiammazione e, di fatto, è stato dimostrato che l'istamina potrebbe favorire il dolore addominale, soprattutto nei pazienti affetti da malattie infiammatorie intestinali (IBD).

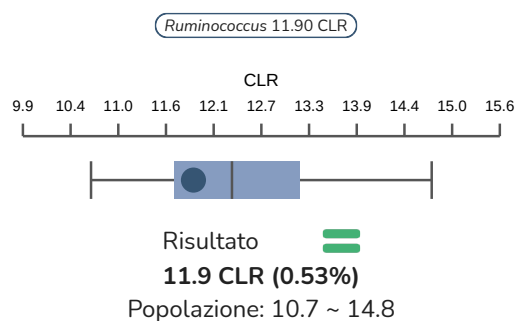
RIFERIMENTI: 10.1126/SCITRANSLMED.ABJ1895,
10.1186/S12864-021-08004-3

10.3389/FNUT.2022.1018463,

INTERAZIONI CON SOSTANZE TOSSICHE

TOSSICITÀ ALL'ALCOL

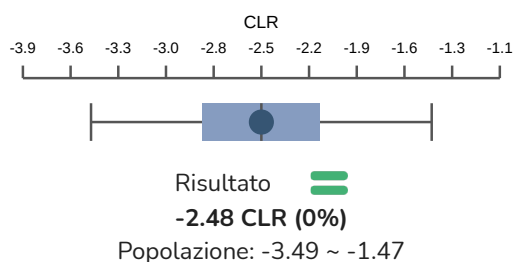
PRODUTTORI DI ACETALDEIDE



L'acetaldeide è catalogata come sostanza cancerogena poichè è in grado di formare addotti al DNA possibili promotori di carcinogenesi. L'eccessiva concentrazione di acetaldeide provoca infiammazione e metaplasia dell'epitelio tracheale e questo può essere causa dell'insorgenza di carcinoma della laringe. Oltre al fegato, un altro organo importante per la degradazione dell'etanolo e per la produzione di acetaldeide è l'intestino attraverso il microbioma intestinale. Un'eccessiva concentrazione di acetaldeide può essere collegata a un aumento del rischio di morbidità gastrointestinale, diarrea e cancro al colon.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.ORALONCOLOGY.2006.02.005, DOI:10.1038/NRMICRO3344,
DOI:10.1080/13556219772840,
DOI:10.1002/(SICI)1097-0215(20000415)86:2<169::AID-IJC4>3.0.CO;2-3

CONSUMATORI DI ACETALDEIDE



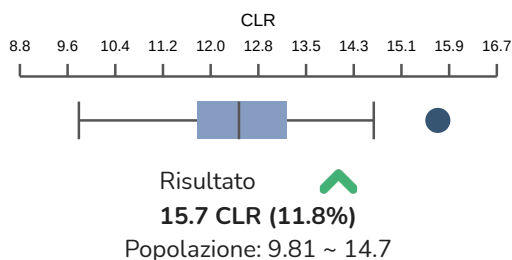
METABOLISMO DEL TRIPTOFANO

PRODUTTORI DI INDOLO

<i>Alistipes putredinis</i> 15.03 CLR	<i>Parabacteroides distasonis</i> 13.93 CLR
<i>Phocaeicola dorei</i> 13.33 CLR	<i>Bacteroides fragilis</i> 12.73 CLR
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i> 12.32 CLR	<i>Bacteroides uniformis</i> 12.32 CLR
<i>Alistipes finegoldii</i> 11.63 CLR	<i>Bacteroides eggerthii</i> 11.63 CLR
<i>Bacteroides salyersiae</i> 11.63 CLR	

I produttori di indolo sono un gruppo di batteri del microbioma intestinale in grado di produrre indolo attraverso il metabolismo del triptofano. Alcuni studi hanno dimostrato che l'indolo prodotto dai batteri intestinali può avere effetti benefici sull'ospite, come promuovere la funzione di barriera intestinale, ridurre l'infiammazione e modulare le risposte immunitarie.

RIFERIMENTI: 10.1016/J.CHOM.2018.05.003

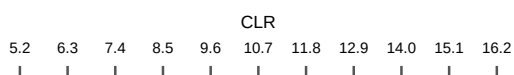


NEUROTRASMETTITORI

OMEOSTASI DEL GABA

PRODUTTORI DI GABA

Bacteroides fragilis 12.73 CLR *Streptococcus salivarius* 12.55 CLR



Risultato ■
13.3 CLR (1.17%)

Popolazione: 6.80 ~ 14.6

I produttori di GABA sono quei batteri in grado di sintetizzare l'acido gamma-aminobutirrico (GABA), un neurotrasmettitore importante per la regolazione dell'attività cerebrale. Sebbene il GABA sia prodotto principalmente nel cervello, può essere prodotto anche nel microbioma intestinale a partire dall'aminoacido glutammato attraverso un processo chiamato decarbossilazione. È stato dimostrato che un aumento dei livelli di produttori di GABA potrebbe ridurre l'infiammazione, migliorare la motilità intestinale e ridurre l'ansia e i comportamenti simili alla depressione.

RIFERIMENTI: 10.1038/S41598-020-70986-Z, 10.3389/FMICB.2021.656895

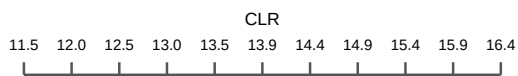
CONSUMATORI DI GABA

Alistipes putredinis 15.03 CLR *Parabacteroides distasonis* 13.93 CLR

Phocaeicola dorei 13.33 CLR *Bacteroides fragilis* 12.73 CLR

Bacteroides uniformis 12.32 CLR *Dorea longicatena* 12.32 CLR

Ruminococcus bromii 12.04 CLR *Alistipes finegoldii* 11.63 CLR



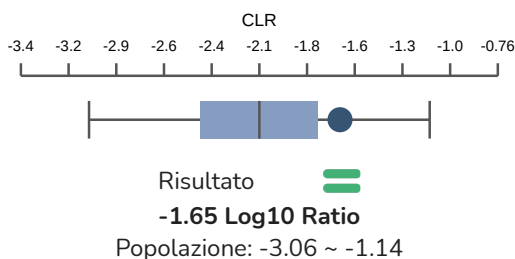
Risultato ▲
15.7 CLR (11.7%)

Popolazione: 12.2 ~ 15.6

REGOLAZIONE IMMUNITARIA

OMEOSTASI IMMUNITARIA

Faecalibacterium prausnitzii 16.12 CLR
Agathobacter rectalis 15.08 CLR
Parabacteroides distasonis 13.93 CLR
Bacteroides fragilis 12.73 CLR
Streptococcus salivarius 12.55 CLR

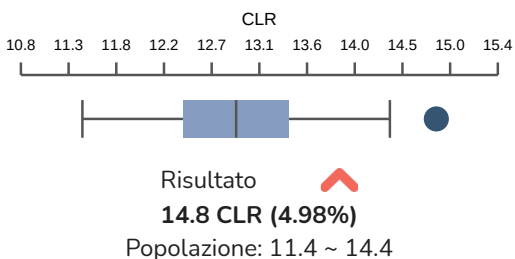


La composizione del microbioma intestinale può influenzare la risposta del sistema immunitario, influenzando così l'omeostasi immunitaria. Alcuni batteri producono acidi grassi a catena corta (SCFA), composti che hanno dimostrato di avere proprietà antinfiammatorie. Altri batteri gram-negativi sono invece altamente immunogeni grazie ai loro lipopolisaccaridi (LPS). Questo indice valuta il rapporto tra batteri pro-infiammatori e anti-infiammatori: maggiore è il rapporto, maggiore è la probabilità di infiammazione.

RIFERIMENTI: 10.3390/IJERPH17207618, 10.3389/FNUT.2021.818902, 10.1038/S41422-020-0332-7, 10.1136/GUTJNL-2020-322670

PERMEABILITÀ E ATTIVITÀ MUCOLITICA

Parabacteroides distasonis 13.93 CLR
Phocaeicola dorei 13.33 CLR
Bacteroides fragilis 12.73 CLR
Bacteroides cellulosilyticus 12.32 CLR
Bacteroides uniformis 12.32 CLR
[Ruminococcus] torques 11.63 CLR

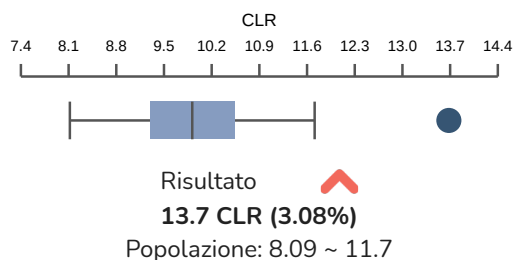


I fattori che indeboliscono la barriera intestinale sono dannosi per la salute dell'individuo. Tra questi fattori, troviamo fattori genetici, gastroenteriti, ingestione di detersivi, consumo eccessivo di alcol e stress emotivo. Inoltre, anche un livello troppo elevato di batteri mucolitici può causare la degradazione dello strato mucosale, soprattutto nelle diete a basso contenuto di fibre, riducendo così la funzione protettiva della barriera intestinale.

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.GENDIS.2014.08.001, DOI:10.1016/J.CELL.2016.10.043

PRODUTTORI DI LPS

Parabacteroides 13.66 CLR

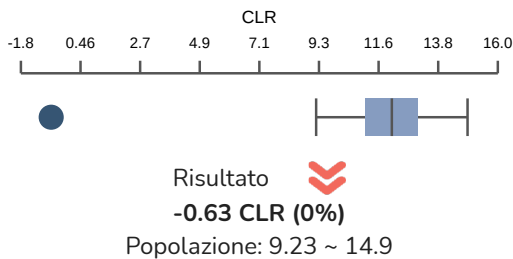


I lipopolisaccaridi (LPS) sono identificati dalle cellule immunitarie come molecole associate agli agenti patogeni. Questo provoca un'attivazione di citochine proinfiammatorie. I Bacteroidetes e i Proteobacteria sono i principali responsabili dell'innalzamento dei valori di LPS.

RIFERIMENTI: DOI:10.3390/MOLECULES21111558, DOI:10.1016/J.AJPATH.2017.08.005, DOI:10.1097/MCO.0000000000000526

MICROBI BENIGNI

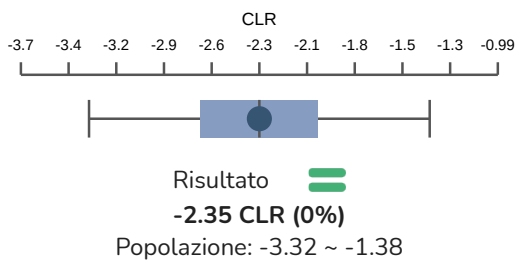
PROBIOTICI



I probiotici sono batteri in grado di modulare il microbiota umano poichè riducono il pH luminale, secernono diversi tipi di composti benefici e proteggono dai patogeni. Competono con quest'ultimi per i nutrienti e ne impediscono l'adesione e l'invasione delle cellule epiteliali sottomucose. Si ipotizza che i probiotici agiscano in tre modi diversi: agendo direttamente sul tratto gastrointestinale attraverso l'interazione con il microbiota e gli enzimi, interagendo con la mucosa, o agendo al di fuori del tratto gastrointestinale (ad es. sul sistema immunitario e su organi come fegato e cervello). Inoltre, i probiotici possono avere effetti benefici diretti fornendo una quota aggiuntiva di enzimi, come la beta-galattosidasi, la cui carenza è causa di intolleranza al lattosio.

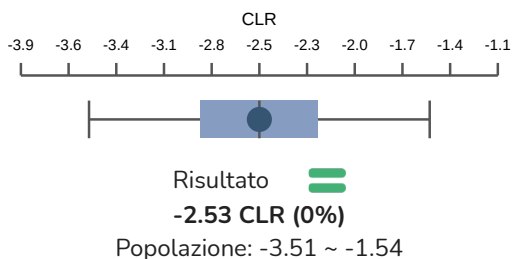
RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.MEDMAL.2013.10.002, DOI:10.1002/MNFR.201600240, DOI:10.1007/S12263-011-0229-7, DOI:10.1016/J.FOODRES.2019.108788, PMID:23426535

AKKERMANSIA MUCINIPHILA



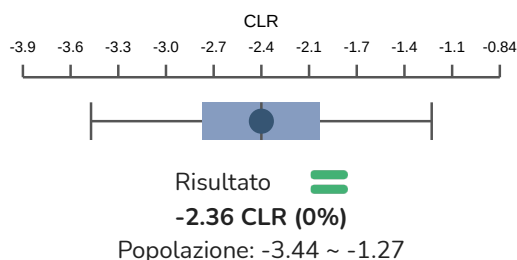
Akkermansia è un genere di batteri che contiene la specie *Akkermansia muciniphila*, batteri gram-negativi e anaerobici. Questo microrganismo è considerato un probiotico e la sua presenza è stata rilevata nel microbiota intestinale nella maggior parte degli adulti con abbondanze inferiori al 5%. È stato riscontrato che i livelli di *A. muciniphila* sono inversamente correlati con alcune malattie come la malattia infiammatoria intestinale, la colite ulcerosa, il morbo di Crohn, l'obesità e il diabete.

BIFIDOBACTERIUM LONGUM



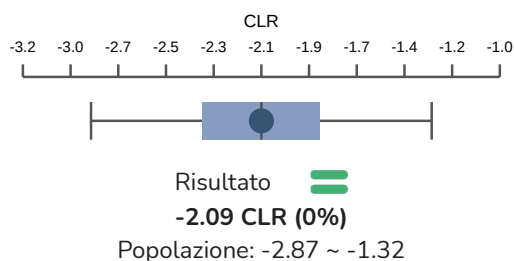
B. longum è un batterio benefico presente nell'intestino che favorisce un sistema immunitario sano, migliora la salute dell'intestino, riduce l'infiammazione, migliora l'assorbimento dei nutrienti e regola l'umore stimolando il sistema immunitario, mantenendo un sano equilibrio dei batteri intestinali e producendo composti antinfiammatori.

BIFIDOBACTERIUM ADOLESCENTIS



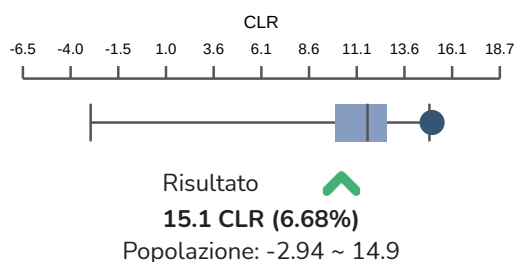
B. adolescentis è un batterio benefico presente nell'intestino che può aiutare a scomporre i carboidrati complessi, produrre vitamine essenziali e sostenere un sistema immunitario sano. Questi benefici si ottengono scomponendo i carboidrati complessi, producendo vitamine essenziali e stimolando il sistema immunitario.

BUTYRICOCOCCUS PULLICAECORUM



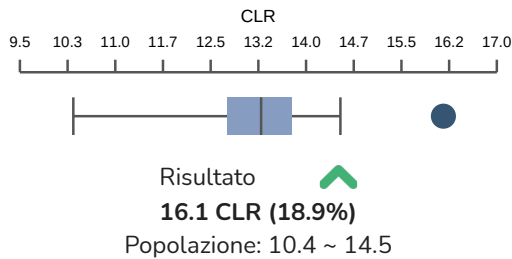
B. pullicaecorum è un batterio benefico presente nell'intestino che produce acidi grassi a catena corta, come il butirato, che forniscono energia alle cellule del colon e promuovono un ambiente intestinale sano. Può anche contribuire a regolare l'infiammazione e a ridurre il rischio di alcune malattie.

EUBACTERIUM RECTALE



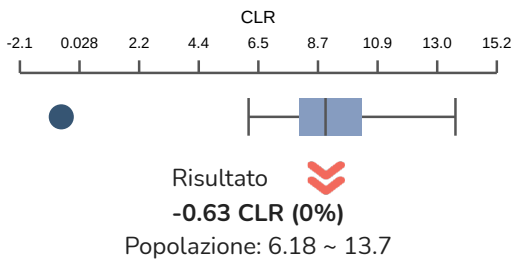
E. rectale è un batterio benefico dell'intestino che contribuisce a mantenere un sano equilibrio del microbiota. È coinvolto nella fermentazione delle fibre alimentari e nella produzione di acidi grassi a catena corta, che possono fornire energia ai colonociti e hanno effetti antinfiammatori.

FAECALIBACTERIUM PRAUSNITZII



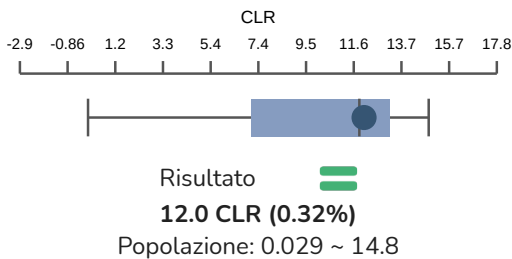
F. prausnitzii è un batterio benefico che si trova comunemente nel microbioma intestinale umano. È stato scoperto che ha proprietà antinfiammatorie, è uno dei principali produttori di butirrato e contribuisce a mantenere l'integrità della barriera intestinale.

ROSEBURIA INTESTINALIS



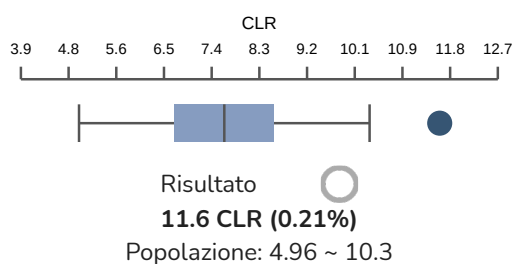
R. intestinalis è un batterio benefico dell'intestino che produce butirrato, un acido grasso a catena corta che nutre le cellule che rivestono il colon, riduce l'infiammazione e promuove la salute generale dell'intestino.

RUMINOCOCCUS BROMII



R. bromii è un batterio benefico per l'intestino perché aiuta a scomporre i carboidrati complessi che l'uomo non è in grado di digerire da solo, producendo acidi grassi a catena corta che servono come fonte di energia per l'organismo e sostenendo la crescita di altri batteri intestinali benefici.

RUMINOCOCCUS FLAVEFACIENS



R. flavefaciens è un batterio benefico per l'intestino perché è in grado di scomporre materiali vegetali fibrosi, come la cellulosa, in composti più semplici, che possono poi essere fermentati da altri microbi intestinali per produrre acidi grassi a catena corta che servono come fonte di energia per l'organismo.

MICROORGANISMI POTENZIALMENTE PATOGENI

Microorganismi potenzialmente patogeni possono essere presenti in piccole quantità nella microbiota intestinale delle persone sane. In determinate condizioni possono crescere esponenzialmente, proliferare e causare disturbi intestinali. Quando la loro abbondanza è superiore al previsto (abbondanza sopra la media della popolazione), è consigliabile consultare un medico e possibilmente eseguire ulteriori indagini diagnostiche. Quando si indica *non rilevato**, non si esclude la possibilità che i microorganismi ricercati possano essere trovati con una quantificazione fisiologica.

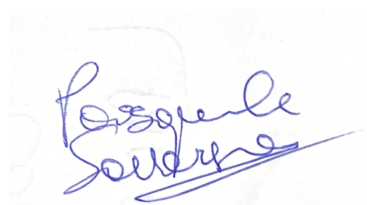
MICROORGANISMO	NON RILEVATO / NON SIGNIFICATIVO	RILEVATO NELL'INTERVALLO FISIOLOGICO	RILEVATO FUORI DALL'INTERVALLO FISIOLOGICO
<i>Bacteroides fragilis</i>	✓		
<i>Clostridioides difficile</i>	✓		
<i>Clostridium perfringens</i>	✓		
<i>Enterococcus faecalis</i>	✓		
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	✓		
<i>Klebsiella oxytoca</i>	✓		
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	✓		
<i>Morganella morganii</i>	✓		
<i>Salmonella enterica</i>	✓		
<i>Shigella flexneri</i>	✓		

LIMITI DEL TEST

Microbiota intestinale non ha finalità diagnostiche; il test consente di identificare la composizione della popolazione del microbiota intestinale e di correlarla con le principali funzioni fisiologiche dell'ospite. Il profilo individuato non esclude in modo assoluto la possibilità che alcuni microrganismi non siano stati rilevati. La metodica inoltre non consente di valutare la vitalità dei microbi 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.



Valentina Ronga
Responsabile Laboratorio di Genetica



Pasquale Savarese
Responsabile della fase analitica

APPENDICE I - TAVOLA TASSONOMICA

Livello minimo di rilevamento: 0.0001 % di abbondanza di procarioti

unkn: specie non identificata - f: famiglia - o: ordine - c: classe - p: phylum

- ⌆ Molto alto
- ^ Alto
- = Nella media
- ▼ Basso
- ⌇ Molto basso
- Non significativo

DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	PAZIENTE (% / CLR)	POPOLAZIONE	RISULTATO
Batteri	Bacillota	Faecalibacterium prausnitzii	18.88 / 16.12	10.35 ~ 14.51	^
Batteri	Bacillota	Waltera intestinalis	7.10 / 15.14	5.85 ~ 11.70	^
Batteri	Bacillota	Agathobacter rectalis	6.68 / 15.08	-2.9 ~ 14.94	^
Batteri	Bacteroidota	Alistipes putredinis	6.36 / 15.03	5.78 ~ 12.23	^
Batteri	Bacillota	unkn. Christensenella(g)	4.98 / 14.79	5.15 ~ 11.12	^
Batteri	Bacillota	Phascolarctobacterium faecium	4.77 / 14.74	6.52 ~ 13.25	^
Batteri	Bacillota	Coprococcus eutactus	3.39 / 14.40	8.47 ~ 14.09	^
Batteri	Bacillota	Fusicatenibacter saccharivorans	3.29 / 14.37	8.42 ~ 13.78	^
Batteri	Bacillota	Lachnospira eligens	3.29 / 14.37	7.40 ~ 13.49	^
Batteri	Bacillota	unkn. Waltera(g)	3.08 / 14.30	6.28 ~ 11.47	^
Batteri	Bacillota	Waltera acetigignens	2.33 / 14.03	6.31 ~ 12.00	^
Batteri	Bacillota	Hominicoprocola fusiformis	2.23 / 13.98	8.14 ~ 13.20	^
Batteri	Bacteroidota	Parabacteroides distasonis	2.12 / 13.93	6.88 ~ 11.81	^
Batteri	Cyanobacteriota	unkn. Gloeobacter(g)	1.70 / 13.71	4.76 ~ 10.63	^
Batteri	Bacillota	Blautia faecis	1.59 / 13.64	9.91 ~ 13.66	=
Batteri	Bacillota	Faecalibacterium hattorii	1.48 / 13.58	4.39 ~ 11.26	^
Batteri	Bacillota	Beduinella massiliensis	1.17 / 13.33	7.89 ~ 11.87	^
Batteri	Bacteroidota	Phocaeicola dorei	1.17 / 13.33	5.55 ~ 13.72	=
Batteri	Cyanobacteriota	unkn. Cyanophyceae(c)	1.06 / 13.24	3.88 ~ 8.17	⌆
Batteri	Bacillota	unkn. Lachnospiraceae(f)	1.06 / 13.24	7.88 ~ 11.39	⌆
Batteri	Bacillota	Anaerostipes hadrus	0.95 / 13.13	9.73 ~ 14.45	=
Batteri	Bacteroidota	Parabacteroides johnsonii	0.95 / 13.13	3.77 ~ 10.74	○
Batteri	Bacillota	unkn. Guopingia(g)	0.95 / 13.13	3.84 ~ 7.59	○
Batteri	Bacillota	Oscillibacter valericigenes	0.85 / 13.02	7.33 ~ 10.87	○
Batteri	Bacillota	Gallintestinimicrobium propionicum	0.74 / 12.88	5.89 ~ 12.86	○
Batteri	Bacillota	Lachnospira pectinoschiza	0.74 / 12.88	6.96 ~ 12.61	○
Batteri	Bacteroidota	Bacteroides fragilis	0.64 / 12.73	3.93 ~ 12.26	○

DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	PAZIENTE (% / CLR)	POPOLAZIONE	RISULTATO
Batteri	Bacillota	Kineothrix alysoides	0.64 / 12.73	3.49 ~ 8.82	○
Batteri	Bacillota	Marseillibacter massiliensis	0.64 / 12.73	6.16 ~ 11.19	○
Batteri	Bacillota	Roseburia inulinivorans	0.64 / 12.73	4.34 ~ 12.78	==
Batteri	Bacillota	Christensenella tenuis	0.53 / 12.55	3.70 ~ 8.99	○
Batteri	Bacillota	Hominiventricola filiformis	0.53 / 12.55	5.93 ~ 11.02	○
Batteri	Bacillota	Streptococcus salivarius	0.53 / 12.55	5.71 ~ 12.56	==
Batteri	Bacteroidota	Bacteroides cellulosilyticus	0.42 / 12.32	4.31 ~ 12.10	○
Batteri	Bacteroidota	Bacteroides uniformis	0.42 / 12.32	7.31 ~ 13.43	==
Batteri	Bacillota	Dorea longicatena	0.42 / 12.32	10.27 ~ 13.74	==
Batteri	Bacillota	Hominisplanchnenecus faecis	0.42 / 12.32	6.22 ~ 12.51	==
Batteri	Bacillota	Roseburia zhanii	0.42 / 12.32	3.99 ~ 8.63	○
Batteri	Pseudomonadota	unkn. Aestuariispira(g)	0.42 / 12.32	3.92 ~ 9.90	○
Batteri	Cyanobacteriota	unkn. Oscillatoria(g)	0.42 / 12.32	3.99 ~ 7.31	○
Batteri	Bacillota	unkn. Oscillospiraceae(f)	0.42 / 12.32	7.39 ~ 11.15	○
Batteri	Bacillota	Clostridium fessum	0.32 / 12.04	5.69 ~ 10.98	○
Batteri	Bacillota	Coprococcus catus	0.32 / 12.04	8.02 ~ 12.76	==
Batteri	Bacillota	Eubacterium coprostanoligenes	0.32 / 12.04	9.17 ~ 13.15	==
Batteri	Bacillota	Eubacterium ramulus	0.32 / 12.04	6.27 ~ 12.18	==
Batteri	Bacillota	Guopingia tenuis	0.32 / 12.04	5.55 ~ 11.53	○
Batteri	Bacillota	Massilioclostridium coli	0.32 / 12.04	5.57 ~ 9.17	○
Batteri	Bacillota	Merdimmobilis hominis	0.32 / 12.04	5.78 ~ 9.70	○
Batteri	Bacillota	Ruminococcus bromii	0.32 / 12.04	0.029 ~ 14.85	==
Batteri	Bacillota	Simiaoa sunii	0.32 / 12.04	5.10 ~ 10.26	○
Batteri	Bacillota	Vescimonas fastidiosa	0.32 / 12.04	5.81 ~ 13.03	==
Batteri	Bacillota	[Clostridium] nexile	0.32 / 12.04	6.95 ~ 11.21	○
Batteri	Pseudomonadota	unkn. Alphaproteobacteria(c)	0.32 / 12.04	3.63 ~ 7.53	○
Batteri	Pseudomonadota	unkn. Kiloniella(g)	0.32 / 12.04	3.95 ~ 8.71	○
Batteri	Cyanobacteriota	unkn. Microcoleusioptosis(g)	0.32 / 12.04	Non presente	○
Batteri	Bacteroidota	Alistipes finegoldii	0.21 / 11.63	4.27 ~ 10.42	○
Batteri	Bacillota	Anthropogastromicrobium aceti	0.21 / 11.63	7.90 ~ 14.01	==
Batteri	Bacteroidota	Bacteroides eggerthii	0.21 / 11.63	4.46 ~ 12.90	==
Batteri	Bacteroidota	Bacteroides salyersiae	0.21 / 11.63	4.04 ~ 11.67	==
Batteri	Bacteroidota	Barnesiella intestinihominis	0.21 / 11.63	5.92 ~ 11.54	○
Batteri	Bacillota	Dorea formicigenerans	0.21 / 11.63	8.35 ~ 12.84	==
Batteri	Bacillota	Eubacterium difficile	0.21 / 11.63	6.49 ~ 12.32	==
Batteri	Bacillota	Faecalibacterium duncaniae	0.21 / 11.63	5.37 ~ 12.72	==
Batteri	Bacillota	Flavonifractor plautii	0.21 / 11.63	8.16 ~ 10.20	○

Dominio	Phylum	Specie	PAZIENTE (% / CLR)	POPOLAZIONE	RISULTATO
Batteri	Bacillota	Fusimonas intestini	0.21 / 11.63	3.29 ~ 8.21	○
Batteri	Bacillota	Hominilimicola fabiformis	0.21 / 11.63	7.33 ~ 12.68	≡
Batteri	Bacillota	Lachnoclostridium edouardi	0.21 / 11.63	4.45 ~ 8.95	○
Batteri	Bacillota	Qingrenia yutianensis	0.21 / 11.63	4.13 ~ 8.34	○
Batteri	Bacillota	Ruminococcus flavefaciens	0.21 / 11.63	4.96 ~ 10.33	○
Batteri	Bacillota	[Lactobacillus] rogosae	0.21 / 11.63	5.79 ~ 12.43	≡
Batteri	Bacillota	[Ruminococcus] torques	0.21 / 11.63	5.62 ~ 13.03	≡
Batteri	Bacillota	unkn. Clostridia(c)	0.21 / 11.63	7.38 ~ 8.91	○
Batteri	Bacillota	unkn. Clostridium(g)	0.21 / 11.63	4.95 ~ 9.99	○
Batteri	Pseudomonadota	unkn. Cohaesibacter(g)	0.21 / 11.63	3.74 ~ 10.19	○
Batteri	Cyanobacteriota	unkn. Cyllindrospermum(g)	0.21 / 11.63	Non presente	○
Batteri	Pseudomonadota	unkn. Enterobacteriaceae(f)	0.21 / 11.63	3.80 ~ 11.45	○
Batteri	Bacillota	unkn. Faecalibacterium(g)	0.21 / 11.63	6.94 ~ 11.77	≡
Batteri	Bacillota	unkn. Luoshenia(g)	0.21 / 11.63	4.23 ~ 7.68	○
Batteri	Cyanobacteriota	unkn. Sodalinema(g)	0.21 / 11.63	Non presente	○