



Wellmicro®

La scienza del microbiota

Wellmicro® Gut Test *Plus*
METAGENOMIC REVOLUTION

 BATTERI  MICETI  VIRUS  PARASSITI

Tipizzazione molecolare del microbiota
intestinale in termini di composizione
e struttura funzionale

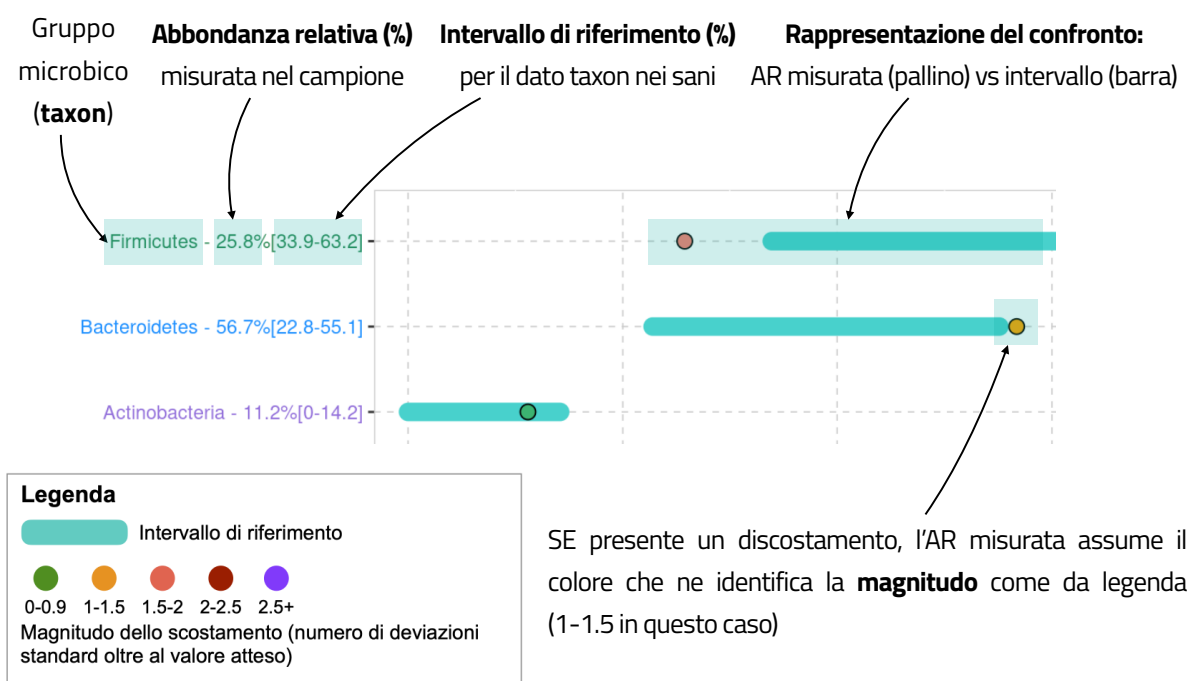
WM
Wellmicro®

COME ANALIZZIAMO IL CAMPIONE

Per generare il presente report il campione subisce principalmente 3 fasi di lavorazione:

- 1. Estrazione e sequenziamento del DNA TOTALE** (NON VIENE MAI SPECIFICAMENTE ESTRATTO E ANALIZZATO IL DNA UMANO!): vengono eseguite dapprima una lisi meccanica e una chimica per massimizzare l'estrazione del DNA microbico dal campione mediante piattaforma automatizzata; in un secondo momento si procede al sequenziamento del DNA TOTALE del campione (batteri, miceti, virus a DNA e parassiti) mediante metodica metagenomica shotgun su piattaforma NovaSEQ 6000DX Illumina®;
- 2. Analisi bioinformatica:** le sequenze risultanti vengono selezionate e mediante 4 specifici approcci le diverse frazioni del campione vengono caratterizzate. La componente batterica batterica viene caratterizzata utilizzando un database internamente curato ad elevata risoluzione, contenente geni marcatori specie-specifici; le restanti frazioni vengono profilate utilizzando un metodo proprietario basato su allineamenti altamente specifici su database di genomi non ridondanti.
- 3. Interpretazione funzionale brevettata:** ottenuta la composizione microbica del campione dai precedenti passaggi, il potenziale impatto del microbiota intestinale sulla fisiologia del soggetto viene analizzato tramite una innovativa metodologia di calcolo brevettata, che utilizza dati di controllo come riferimento e indici metabolici e funzionali di propria ideazione.

COME LEGGERE LA COMPOSIZIONE MICROBICA



La composizione microbica del campione viene confrontata con dei soggetti di controllo a diversi livelli tassonomici (Phylum, Famiglia e Genere); di seguito si riportano i concetti minimi e necessari per la corretta interpretazione di tale confronto:

• **Abbondanza relativa (AR):** ogni gruppo microbico viene mostrato in termini di abbondanza relativa (AR) ovvero la % che il dato gruppo microbico rappresenta sul totale.

• **Intervallo di riferimento:** ogni valore di AR di un gruppo microbico (taxon) viene confrontato con un intervallo di riferimento definito come valore medio \pm deviazione standard delle AR calcolate per il dato gruppo in un dataset di soggetti sani.

▪ **Discostamento dall'intervallo di riferimento (Z-score):** in base al confronto tra AR del campione e l'intervallo di riferimento calcolato nei sani è possibile valutare, se presente, la magnitudo (fold change) di un discostamento. A seconda della magnitudo del discostamento il nome del gruppo microbico e il suo valore di AR vengono colorati diversamente.

COME LEGGERE GLI INDICI METABOLICI E FUNZIONALI

Il nostro brevetto di metodo restituisce una fruibile interpretazione del potenziale metabolico e funzionale del microbiota intestinale, utile per conoscere il coinvolgimento dell'ecosistema microbico nel nostro stato di salute. Per ogni metabolita e/o funzione riportata, quindi, vengono confrontati i valori dei taxa microbici specificamente coinvolti nella data funzione del campione con quelli dei soggetti sani.

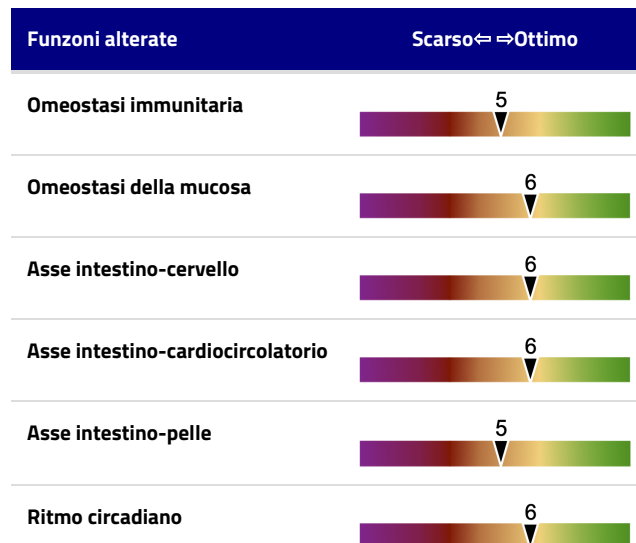
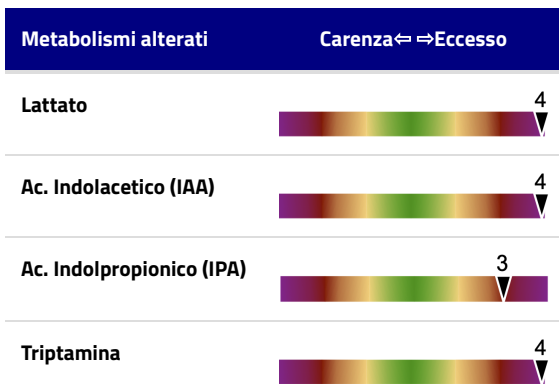
IMPORTANTE: la valutazione di ogni indice si riferisce sempre e soltanto alla capacità esclusiva del microbiota di contribuire o meno al dato metabolismo/funzione e non restituisce quindi alcuna valutazione in merito al contributo della fisiologia e della genetica dell'ospite. Esempio: un indice di "permeabilità intestinale" alterato NON significa necessariamente che il soggetto abbia la permeabilità intestinale, quanto piuttosto che lo specifico microbiota analizzato riporta una composizione che ne può promuovere l'insorgenza (o mantenimento).

ID report	Nome	Cognome	Data accettazione	Data emissione	Età	Sesso

SOMMARIO DEI RISULTATI

Parametri di biodiversità	Valore campione	Riferimento
Indice di biodiversità	1.9	≤ 4.05
Numero di specie (Obs. species)	98	≥ 55
Distanza filogenetica (P.D. whole tree)	22.88	≥ 4.05
Distribuzione delle specie (Indice di Pielou)	0.72	≥ 0.68

Patobionti rilevati	
Batteri	Nessun patobionte rilevato
Miceti	Nessun patobionte rilevato
Virus	Nessun virus rilevato
Parassiti	Nessun parassita rilevato



INDICE DI BIODIVERSITÀ

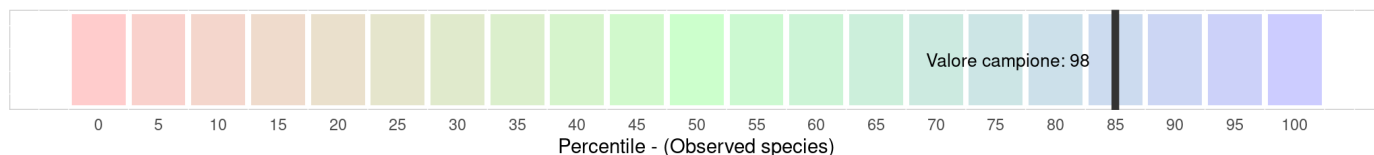
Indice di nostra progettazione che restituisce una valutazione complessiva della biodiversità soppesando le eventuali alterazioni dei singoli parametri di *numero di specie, distanza filogenetica e distribuzione*.

INDICE DI BIODIVERSITÀ	VALORE CAMPIONE: 1.9	RIFERIMENTO: ≤ 4.05
-------------------------------	-----------------------------	----------------------------

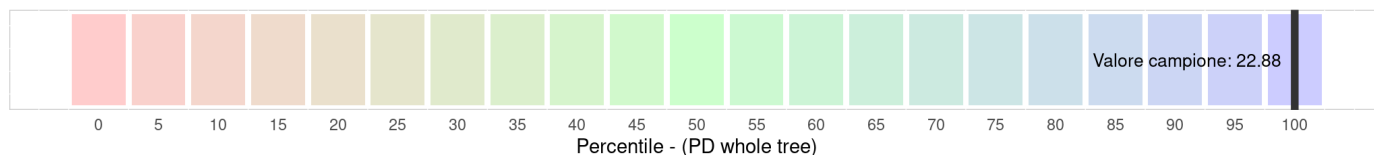
PARAMETRI DI BIODIVERSITÀ DEL CAMPIONE

La **biodiversità** microbica del campione è un importante parametro per la valutazione dello stato di salute del microbiota intestinale. In generale, una bassa biodiversità è associata a condizioni infiammatorie o patologiche e per sua corretta valutazione è utile misurare 3 diversi parametri:

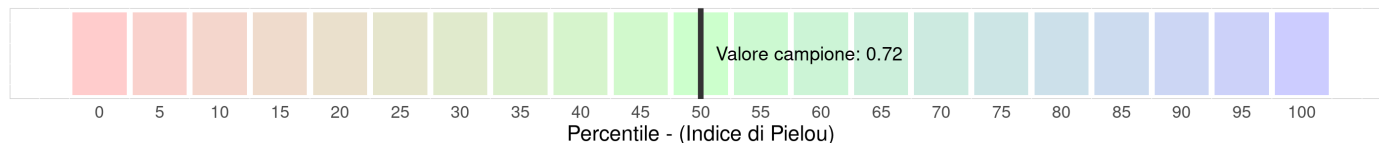
- **Numero di specie (Observed Species):** la somma delle diverse specie presenti [18,23]



- **Distanza filogenetica (PD. Whole Tree):** descrive quanto le specie presenti sono distanti (diverse) filogeneticamente tra di loro. Maggiore è la distanza tra due specie e minore è la somiglianza a livello del loro DNA e presumibilmente anche delle loro funzioni metaboliche [23, 36, 37, 48, 49, 69, 113]



- **Distribuzione delle specie (Indice di Pielou):** esprime quanto è uniforme la distribuzione delle AR dei diversi gruppi batterici tra di loro. Maggiore è l'uniformità e più equilibrata è la distribuzione dei diversi taxa batterici



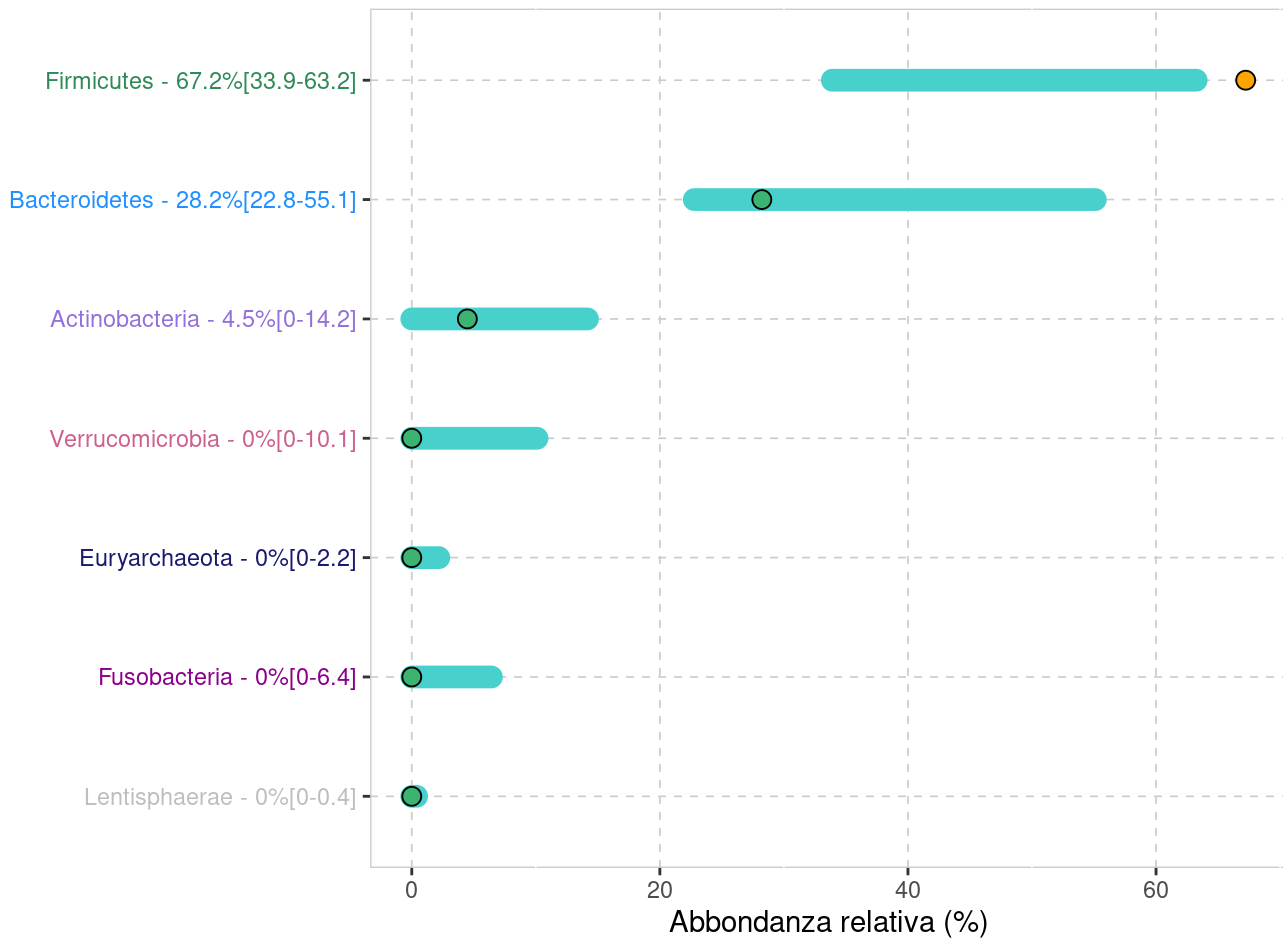
RAPPORTO FIRMICUTES/BACTEROIDETES	VALORE CAMPIONE: 2.38	RIFERIMENTO: 0.3-3.2
--	------------------------------	-----------------------------

RAPPORTO PREVOTELLA/BACTEROIDES	VALORE CAMPIONE: 0.37	RIFERIMENTO: 0.002-14.1
--	------------------------------	--------------------------------

ENTEROTIPO: Misto - Dominato da Faecalibacterium

ECOLOGIA BATTERICA – LIVELLO PHYLUM

L'analisi del campione prevede che vengano sempre ricercati tutti i batteri possibili e, pertanto, quelli mostrati nel grafico sono quelli effettivamente trovati nel campione tra tutti i possibili batteri conosciuti.



Legenda

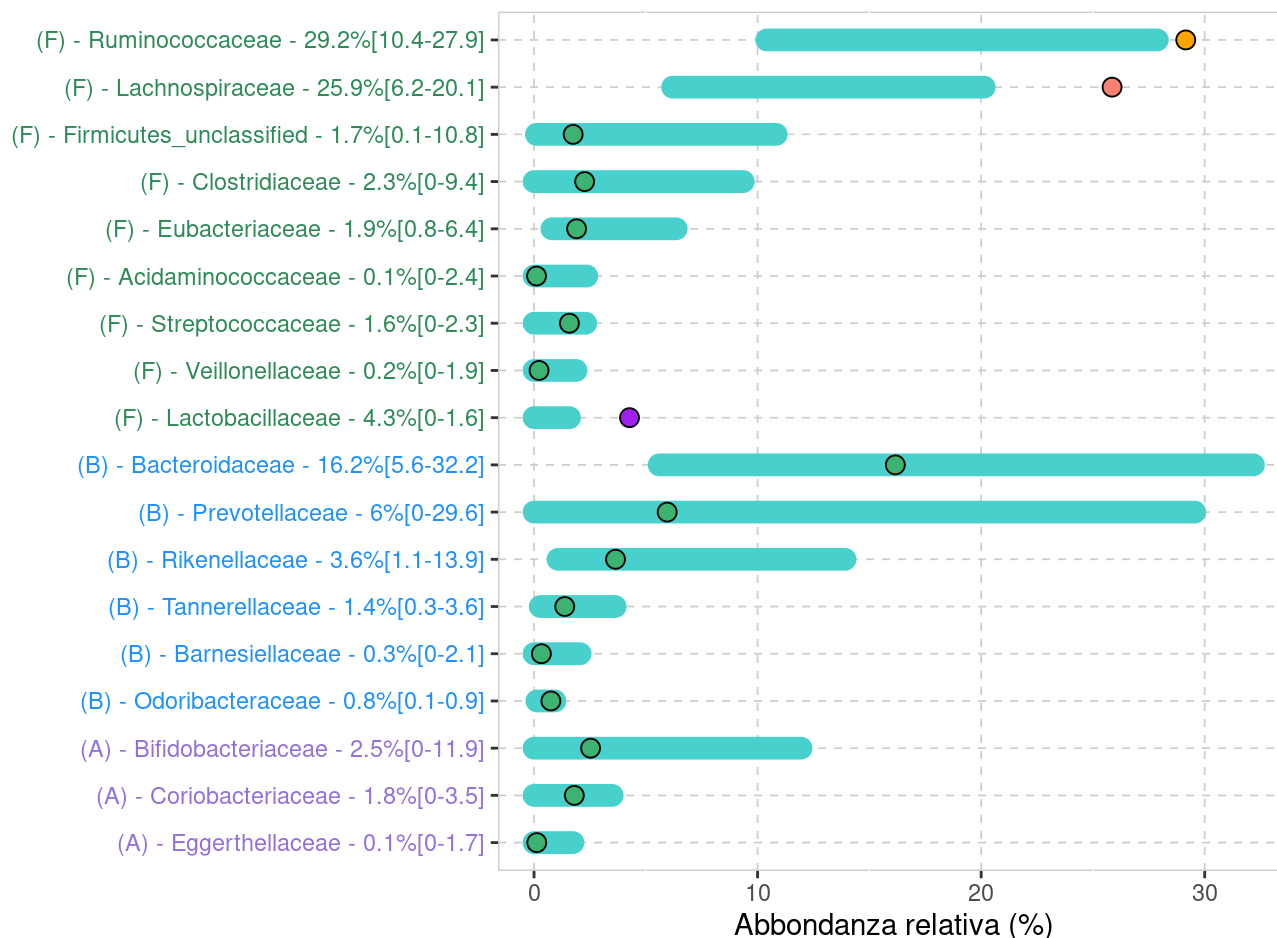
Intervallo di riferimento

0-0.9 1-1.5 1.5-2 2-2.5 2.5+

Magnitudo dello scostamento
(numero di deviazioni standard oltre al valore atteso)

ECOLOGIA BATTERICA – LIVELLO FAMIGLIA

L'analisi del campione prevede che vengano sempre ricercati tutti i batteri possibili e, pertanto, quelli mostrati nel grafico sono quelli effettivamente trovati nel campione tra tutti i possibili batteri conosciuti.



Legenda

Intervallo di riferimento

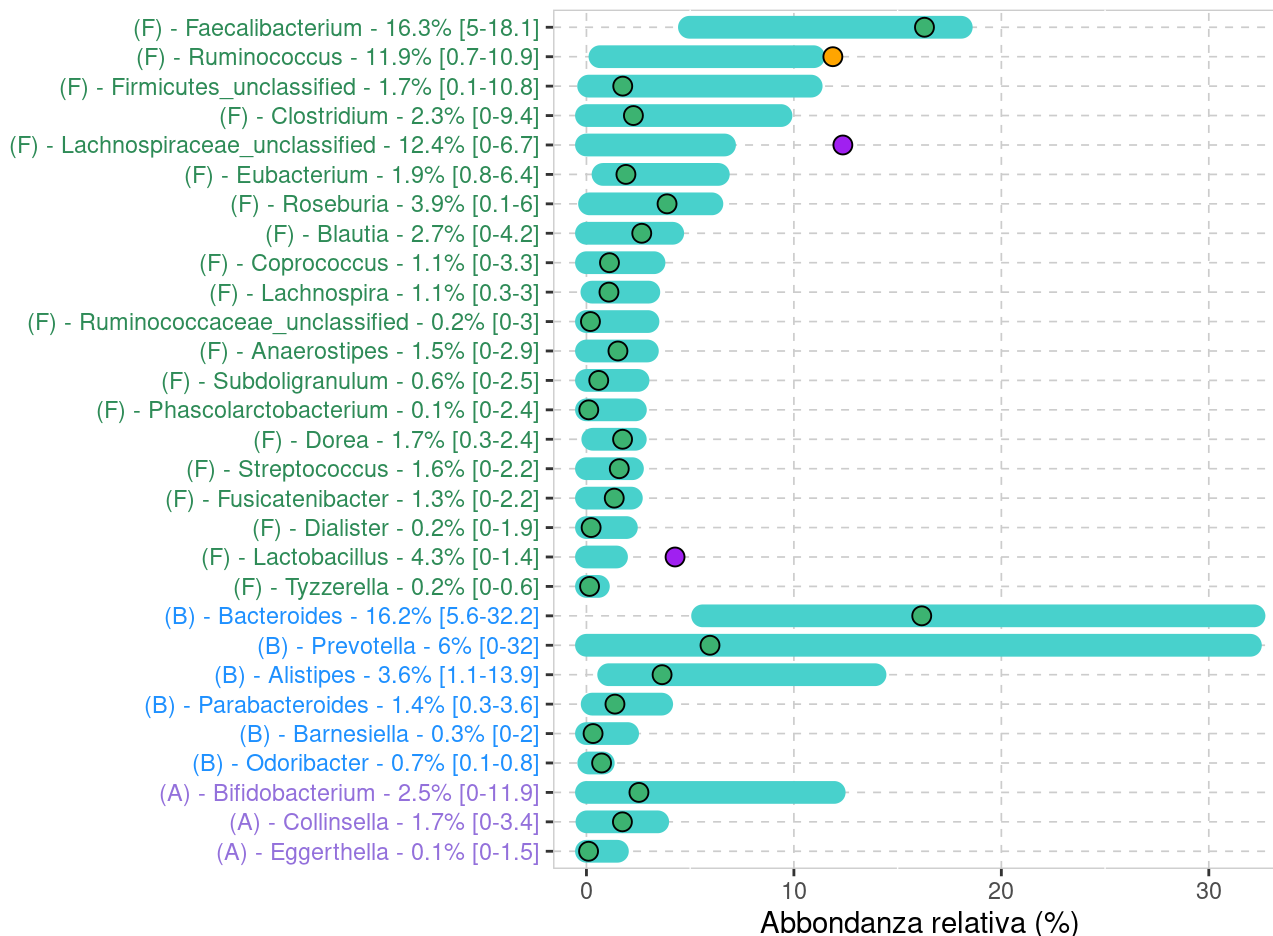
Magnitudo dello scostamento (numero di deviazioni standard oltre al valore atteso)

- 0-0.9
- 1-1.5
- 1.5-2
- 2-2.5
- 2.5+

- A - Actinobacteria
- B - Bacteroidetes
- F - Firmicutes
- Fu - Fusobacteria
- Eu - Euryarchaeota
- P - Proteobacteria
- Sy - Synergistetes
- V - Verrucomicrobia

ECOLOGIA BATTERICA – LIVELLO GENERE

L'analisi del campione prevede che vengano sempre ricercati tutti i batteri possibili e, pertanto, quelli mostrati nel grafico sono quelli effettivamente trovati nel campione tra tutti i possibili batteri conosciuti.



Legenda

Intervallo di riferimento

Magnitudo dello scostamento (numero di deviazioni standard oltre al valore atteso)

- 0-0.9
- 1-1.5
- 1.5-2
- 2-2.5
- 2.5+

- A - Actinobacteria
- B - Bacteroidetes
- F - Firmicutes
- Fu - Fusobacteria
- Eu - Euryarchaeota
- P - Proteobacteria
- Sy - Synergistetes
- V - Verrucomicrobia

Patogeni rilevati (A.R. ≥ 1%)

Nessun patogeno rilevato

POTENZIALE METABOLICO

Sono di seguito riportate una serie di molecole la cui produzione è mediata dal microbiota intestinale. La loro produzione ottimale, così come la loro eventuale carenza o eccesso sono riportati di seguito.

Metabolismo	Carenza ⇌ Eccesso	Metabolismo	Carenza ⇌ Eccesso
Acetato	-1	Trimetilammina (TMA)	1
Butirrato	1	Polifenoli	0
Propionato	-1	Vitamine gr. B	0
Succinato	0	Vitamina K2	-1
Lattato	4	Degradazione glutine	0
GABA	-1	Mucolisi	0
Istamina	0	Proteolisi	-1
Indolo	-1	Lipopolisaccaride (LPS)	0
Ac. Indolacetico (IAA)	4	Ac. biliari secondari	0
Ac. Indolpropionico (IPA)	3	Etanolo	0
Triptamina	4	Ac. Solfidrico (H ₂ S)	0
Serotonina	-1	Metano (CH ₄)	0

Legenda

-4 -3 -2 -1 0 1 2 3 4

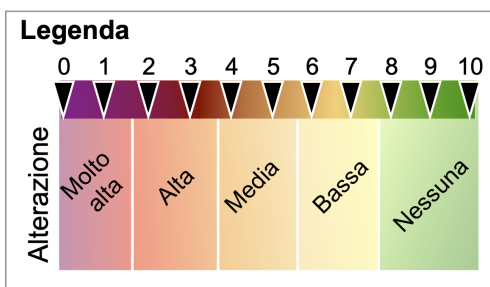
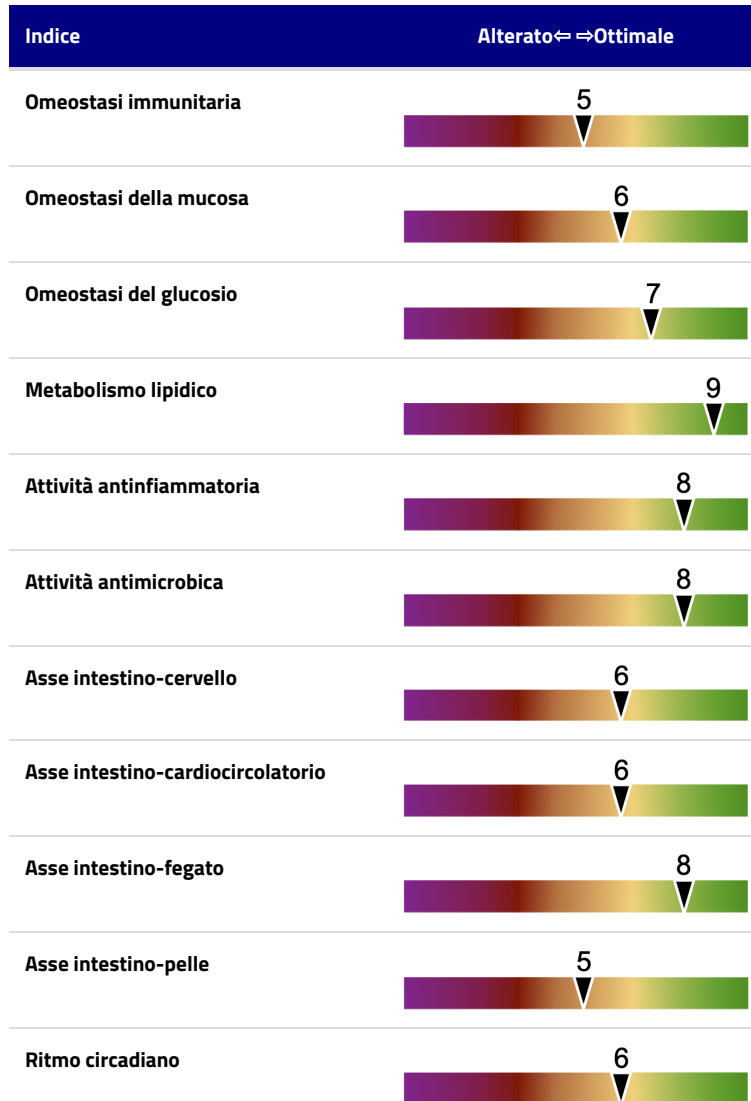
Carenza ← Ottimale → Eccesso

<ul style="list-style-type: none"> Acidi carbossilici Ammine biogene Potenziale antiossidante Vitamine 	<ul style="list-style-type: none"> Catabolismo microbico Immunostimolazione Alcoli Gas
--	--

INDICI FUNZIONALI

Indici di nostra progettazione che mettono in relazione tra loro i precedenti indici metabolici per restituire un'interpretazione funzionale dell'impatto del microbiota intestinale sulla fisiologia dell'ospite. L'alterazione di ogni metabolismo (carenza o eccesso) che viene considerato per una data funzione contribuisce alla valutazione complessiva della stessa in termini di "ottimale" o "alterata".

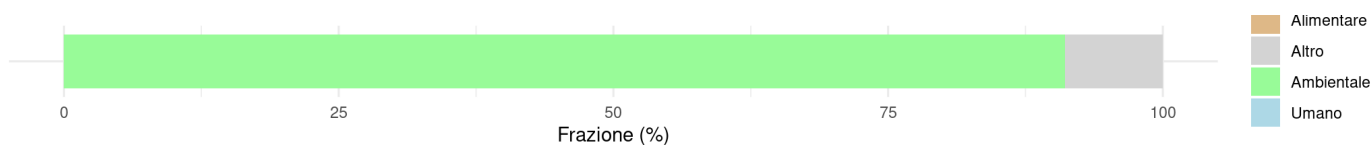
IMPORTANTE: si ricorda che tali indici funzionali NON rappresentano alcuna misurazione diagnostica o predittiva di insorgenza di patologia/disturbo ma valutano il possibile contributo del solo microbiota intestinale alle date funzioni.



ORIGINE DEL MICROBIOTA

Diverse specie di miceti hanno un'ecologia ambientale e/o alimentare ma possono essere dei potenziali patogeni una volta che trovano nel corpo umano una nicchia dove proliferare. Risulta quindi importante, classificare le diverse specie presenti nel campione e definirne la natura potenzialmente patogena o meno (identificato come 'Altro').

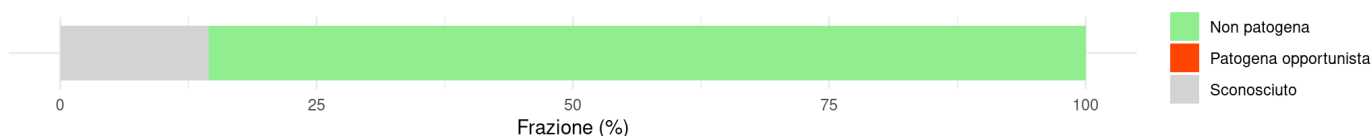
NOTA: alla porzione del microbiota "NON CLASSIFICABILE" non viene applicata alcuna categoria in quanto non è possibile stabilirne per definizione la sua natura.



PATOGENICITÀ DEL MICROBIOTA

Diverse specie di miceti hanno un'ecologia ambientale e/o alimentare ma possono essere dei potenziali patogeni una volta che trovano nel corpo umano una nicchia dove proliferare. Risulta quindi importante, classificare le diverse specie presenti nel campione e definirne la natura potenzialmente patogena o meno (identificato come 'Altro').

NOTA: alla porzione del microbiota "NON CLASSIFICABILE" non viene applicata alcuna categoria in quanto non è possibile stabilirne per definizione la sua natura.



Miceti	Abbondanza relativa (%)	Patogenicità
Aspergillus niger	38.72	Non patogena
Aspergillus flavus	37.02	Non patogena
Pichia kudriavzevii	9.79	Non patogena
Non Classificabile	14.47	Sconosciuto

COMPONENTE VIRALE

Nella seguente tabella vengono riportati i principali virus a DNA ricercati all'interno del campione. La dicitura *'Non Rilevato'* va ad indicare la non rilevabilità dell'acido nucleico virale all'interno del campione fecale, tuttavia non è possibile escludere la presenza dei seguenti virus all'interno di altri distretti corporei. Per consultare la lista completa contenente gli **1576** virus ricercati si rimanda al QRcode riportato in seguito.



Virus	Esito
Herpesvirus	Non Rilevato
Cytomegalovirus	Non Rilevato
Papillomavirus	Non Rilevato
Poliomavirus	Non Rilevato
T-lymphotropic virus 4	Non Rilevato
Brisavirus VW	Non Rilevato
Vientovirus MW	Non Rilevato
Torque teno midi virus	Non Rilevato
Torque teno virus	Non Rilevato

PARASSITI

Nella seguente tabella vengono riportati i parassiti ricercati all'interno del campione. La dicitura *'Non Rilevato'* va ad indicare l'assenza dell'acido nucleico del parassita all'interno del campione fecale, tuttavia non è possibile escluderne la presenza all'interno di altri distretti corporei.

Parassita	Esito
Ancylostoma duodenale	Non Rilevato
Ascaris lumbricoides	Non Rilevato
Blastocystis hominis	Non Rilevato
Clonorchis sinensis	Non Rilevato
Cyclospora cayetanensis	Non Rilevato
Dracunculus medinensis	Non Rilevato
Echinococcus granulosus	Non Rilevato
Echinococcus multilocularis	Non Rilevato
Entamoeba dispar	Non Rilevato
Entamoeba histolytica	Non Rilevato
Enterobius vermicularis	Non Rilevato
Giardia intestinalis	Non Rilevato
Giardia lamblia	Non Rilevato
Onchocerca volvulus	Non Rilevato
Rodentolepis nana	Non Rilevato
Schistosoma mansoni	Non Rilevato
Strongyloides stercoralis	Non Rilevato
Taenia solium	Non Rilevato
Toxoplasma gondii	Non Rilevato
Trichomonas vaginalis	Non Rilevato
Trichuris trichiura	Non Rilevato
Trypanosoma cruzi	Non Rilevato

SEZIONE PER IL PROFESSIONISTA

Lo scopo dei suggerimenti è quello di riportare le più aggiornate evidenze scientifiche su come poter modulare specificamente i taxa che sono alla base dei potenziali metabolici che a loro volta sono responsabili delle funzioni. Per la compilazione della presente tabella vengono riportate informazioni che derivano da studi interventistici eseguiti su essere umano e da evidenze scientifiche ottenute tramite l'analisi dell'ampio database esclusivo di Wellmicro (indicati da un asterisco nella tabella). Quindi, se in letteratura non sono presenti suggerimenti per correggere un dato taxon (target primario) interroghiamo il nostro database per sapere su quale altro taxon (target secondario) si può intervenire per avere l'effetto desiderato sul target primario studiandone i rapporti di co-abbondanza con gli altri gruppi microbici.

COME LEGGERE LA TABELLA

I metaboliti alterati sono mostrati assieme ai possibili interventi correttivi per ogni alterazione i cui taxa coinvolti presentano evidenze in letteratura scientifica. Le colonne si dividono in:

- **Indici alterati:** L'indice funzionale alterato riscontrato dal test;
- **Batteri coinvolti:** il nome del genere batterico alterato riscontrato dal test che ha un contributo all'interno dell'indice riportato;
- **Alimenti/Integratori/Probiotici** consigliati: gli alimenti/integratori/probiotici che in letteratura riportano l'effetto desiderato per la correzione della specifica alterazione;
- *: indica gli alimenti/integratori/probiotici utili a intervenire sul target secondario se non è presente in letteratura alcuna informazione per il target primario (vedi SUGGERIMENTI DI INTERVENTO);

IMPORTANTE: i suggerimenti NON rappresentano in alcun modo dei piani alimentari e/o terapeutici, ma vogliono essere esclusivamente un supporto al professionista per l'elaborazione di eventuali piani d'intervento sull'individuo. Si rimanda al professionista di riferimento la scelta della durata e della posologia di eventuali interventi nella dieta e/o nello stile di vita e/o nel percorso terapeutico che vogliono tenere in considerazione i suggerimenti di seguito riportati.

Indici alterati	Batteri coinvolti	Alimenti consigliati	Integratori consigliati	Probiotici consigliati
Omeostasi immunitaria	<i>Lactobacillus</i> , <i>Ruminococcus</i>	Cannella, Lampone nero, Tè Pu Erh, Pompelmo	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Esperidina, GOS, Ginkgo biloba, Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Resveratrolo, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Chitosano, Estratto di semi d'uva, Laminaria hyperborea (alga), Vitamina B2, Vitamina D, Vitamina E	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i> , <i>Bacillus</i> <i>coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i>
Omeostasi della mucosa	<i>Lactobacillus</i> , <i>Ruminococcus</i>	Cannella, Lampone nero, Tè Pu Erh, Pompelmo	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Esperidina, GOS, Ginkgo biloba, Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Resveratrolo, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Chitosano, Estratto di semi d'uva, Laminaria hyperborea (alga), Vitamina B2, Vitamina D, Vitamina E	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i> , <i>Bacillus</i> <i>coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i>
Omeostasi del glucosio	<i>Ruminococcus</i>	Cannella, Lampone nero	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Esperidina, GOS, Ginkgo biloba, Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Resveratrolo, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i>
Asse intestino-fegato	<i>Ruminococcus</i>	Cannella, Lampone nero	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Esperidina, GOS, Ginkgo biloba, Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Resveratrolo, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i>
Asse intestino-pelle	<i>Lactobacillus</i> , <i>Ruminococcus</i>	Cannella, Lampone nero, Tè Pu Erh, Pompelmo	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Esperidina, GOS, Ginkgo biloba, Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Resveratrolo, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Chitosano, Estratto di semi d'uva, Laminaria hyperborea (alga), Vitamina B2, Vitamina D, Vitamina E	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i> , <i>Bacillus</i> <i>coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i>

Indici alterati	Batteri coinvolti	Alimenti consigliati	Integratori consigliati	Probiotici consigliati
Ritmo circadiano	<i>Lactobacillus</i> , <i>Ruminococcus</i>	Cannella, Lampone nero, Tè Pu Erh, Pompelmo	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Esperidina, GOS, Ginkgo biloba, Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Resveratrolo, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Chitosano, Estratto di semi d'uva, Laminaria hyperborea (alga), Vitamina B2, Vitamina D, Vitamina E	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i> , <i>Bacillus coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i>
Metabolismo lipidico	<i>Lactobacillus</i> , <i>Ruminococcus</i>	Cannella, Lampone nero, Tè Pu Erh, Pompelmo	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Esperidina, GOS, Ginkgo biloba, Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Resveratrolo, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Chitosano, Estratto di semi d'uva, Laminaria hyperborea (alga), Vitamina B2, Vitamina D, Vitamina E	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i> , <i>Bacillus coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i>
Attività antinfiammatoria	<i>Lactobacillus</i>	Cannella, Lampone nero, Tè Pu Erh, Pompelmo	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Esperidina, GOS, Ginkgo biloba, Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Resveratrolo, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Chitosano, Estratto di semi d'uva, Laminaria hyperborea (alga), Vitamina B2, Vitamina D, Vitamina E	<i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i> , <i>Bacillus coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i>
Attività antimicrobica	<i>Lactobacillus</i> , <i>Ruminococcus</i>	Tè Pu Erh, Pompelmo, Cannella, Lampone nero	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Chitosano, Esperidina, Estratto di semi d'uva, Ginkgo biloba, Laminaria hyperborea (alga), Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B2, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Vitamina D, Vitamina E, GOS, Resveratrolo	<i>Bacillus coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i>
Asse intestino-cervello	<i>Lactobacillus</i>	Tè Pu Erh, Pompelmo	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Chitosano, Esperidina, Estratto di semi d'uva, Ginkgo biloba, Laminaria hyperborea (alga), Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B2, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Vitamina D, Vitamina E	<i>Bacillus coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i>



Indici alterati	Batteri coinvolti	Alimenti consigliati	Integratori consigliati	Probiotici consigliati
Asse intestino-cardiocircolatorio	<i>Lactobacillus</i>	Tè Pu Erh, Pompelmo, Cannella, Lampone nero	Acido retinoico, Arbutina, Caffaina, Chitosano, Esperidina, Estratto di semi d'uva, Ginkgo biloba, Laminaria hyperborea (alga), Luteolina, Melatonina, Radice di liquirizia, Vitamina B12, Vitamina B1, Vitamina B2, Vitamina B3, Vitamina B6, Vitamina B7, Vitamina C, Vitamina D, Vitamina E, GOS, Resveratrolo	<i>Bacillus coagulans</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Lactobacillus casei</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Clostridium butyricum</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus reuteri</i>

APPENDICE I - Lista completa delle specie batteriche identificate dal nostro test

Nel campione sono state ricercate un **totale di 15.810 specie batteriche** e sono di seguito riportate quelle con un'abbondanza relativa rilevata maggiore dello 0.01%. Per consultare la lista di **TUTTE** le specie batteriche che vengono ricercate all'interno del campione inquadrare il QRcode riportato qui sotto.



Taxon	Abbondanza relativa misurata (%)	Riferimento
F - Faecalibacterium prausnitzii	16.29	3.41 - 17.89
F - Eubacterium rectale	12.36 *	0.09 - 8.11
F - Ruminococcus bromii	10.87	0.28 - 12.5
F - Lactobacillus fermentum	4.27 *	0.2 - 0.2
F - Clostridium sp CAG 217	1.86	0.32 - 3.48
F - Roseburia faecis	1.84	0.13 - 4.38
F - Eubacterium hallii	1.6	0.13 - 1.7
F - Anaerostipes hadrus	1.52	0.21 - 2.74
F - Streptococcus salivarius	1.5 *	0.04 - 1.3
F - Roseburia inulinivorans	1.5	0.05 - 2.18
F - Firmicutes bacterium CAG 56	1.44 *	0.08 - 1.25
F - Fusicatenibacter saccharivorans	1.34	0.18 - 2.23
F - Dorea longicatena	1.28	0.15 - 2.28
F - Lachnospira pectinoschiza	1.09	0.33 - 3.36
F - Blautia obeum	1.03	0.08 - 1.89
F - Ruminococcus sp CAG 254	0.99	0.07 - 1.99
F - Ruminococcus torques	0.96	0.11 - 1.47
F - Coprococcus comes	0.8	0.15 - 1.39
F - Dorea formicigenerans	0.46	0.07 - 0.62
F - Subdoligranulum sp	0.45	0.1 - 2.14
F - Blautia sp	0.33	0.03 - 0.55
F - Coprococcus catus	0.31	0.03 - 0.36
F - Roseburia hominis	0.28	0.02 - 1.18
F - Roseburia intestinalis	0.25	0.05 - 3.36
F - Dialister invisus	0.23	0.03 - 1.41
F - Eubacterium ventriosum	0.18	0.02 - 0.32
F - Ruminococcaceae bacterium KLE1738	0.17	0.1 - 0.59
F - Blautia sp CAG 52	0.16	0.04 - 0.53
F - Clostridium sp CAG 813	0.15 *	0.25 - 0.57
F - Tyzzerella sp	0.15	0.03 - 0.5

Taxon	Abbondanza relativa misurata (%)	Riferimento
F - Clostridium sp CAG 75	0.14	0.07 - 2
F - Blautia sp AF19 10LB	0.14	0.03 - 1.84
F - Subdoligranulum sp APC924 74	0.14	0.03 - 0.97
F - Firmicutes bacterium CAG 114	0.11	0.01 - 0.33
F - Phascolarctobacterium faecium	0.11	0.05 - 1.18
F - Eubacterium ramulus	0.1	0.02 - 0.37
F - Agathobaculum butyriciproducens	0.08	0.02 - 0.25
F - Flavonifractor plautii	0.08	0.02 - 0.66
F - Clostridium sp AM22 11AC	0.06	0.01 - 0.39
F - Oscillibacter sp 57 20	0.06 *	0.1 - 2.11
F - Firmicutes bacterium AF16 15	0.06	0.01 - 0.56
F - Blautia wexlerae	0.05	0.01 - 0.17
F - Firmicutes bacterium CAG 102	0.05	0.02 - 0.22
F - Firmicutes bacterium CAG 41	0.05	0.02 - 0.38
F - Streptococcus thermophilus	0.04	0.04 - 1.21
F - Gemmiger formicilis	0.04	0.03 - 0.7
F - Firmicutes bacterium CAG 65 45 313	0.04	0.01 - 0.58
F - Streptococcus parasanguinis	0.03	0.01 - 0.73
F - Eubacterium siraeum	0.03 *	0.07 - 3.87
F - Mitsuokella multacida	0.03 *	0.17 - 1.11
F - Clostridium sp CAG 265	0.02	0.01 - 0.58
F - Eubacterium sp CAG 274	0.02 *	0.05 - 0.87
F - Clostridium sp CAG 12237 41	0.01	0.01 - 0.37
F - Clostridium sp CAG 58	0.01 *	0.03 - 0.36
F - Roseburia sp CAG 471	0.01	0 - 0.41
F - Ruminococcus sp AF31 8BH	0.01	0.01 - 0.18
B - Bacteroides sp CAG 875	4.54 *	0.01 - 0.96
B - Prevotella sp 109	3.87	0.36 - 7.37
B - Alistipes putredinis	3.36	1.14 - 7.29
B - Bacteroides coprocola	3.02 *	0.06 - 2.62
B - Bacteroides uniformis	3.01	0.62 - 13.9
B - Prevotella sp CAG 1185	2.08	0.19 - 2.76
B - Bacteroides vulgatus	1.91	0.55 - 8.86
B - Bacteroides coprophilus	1.37	0.11 - 2.99
B - Bacteroides plebeius	0.87	0.22 - 15.19
B - Parabacteroides merdae	0.83	0.08 - 1.46

Taxon	Abbondanza relativa misurata (%)	Riferimento
B - Odoribacter splanchnicus	0.73	0.11 - 0.86
B - Parabacteroides distasonis	0.54	0.23 - 2.75
B - Bacteroides stercoris	0.43	0.13 - 6.71
B - Bacteroides caccae	0.39	0.1 - 1.54
B - Bacteroides thetaiotaomicron	0.33	0.03 - 1.02
B - Barnesiella intestinihominis	0.32	0.13 - 2.09
B - Alistipes obesi	0.22	0.14 - 1.95
B - Bacteroides xylanisolvens	0.16	0.02 - 0.91
B - Bacteroides sp CAG 443	0.09	0.01 - 0.49
B - Alistipes shahii	0.05	0.03 - 0.64
B - Bacteroides sp CAG 1076	0.03	0.01 - 0.7
B - Butyrivibrio synergistica	0.02	0.01 - 0.19
B - Alistipes sp CAG 268	0.01 *	0.02 - 1
A - Collinsella aerofaciens	1.73	0.26 - 3.66
A - Bifidobacterium longum	1.49	0.13 - 5.23
A - Bifidobacterium adolescentis	0.89	0.2 - 7.67
A - Bifidobacterium pseudocatenulatum	0.12	0.08 - 3.93
A - Eggerthella sp CAG 298	0.1	0.02 - 0.81
A - Senegalimassilia anaerobia	0.07	0.02 - 0.39
A - Bifidobacterium dentium	0.03	0.02 - 0.85
A - Actinomyces sp ICM47	0.02	0.01 - 0.06
A - Asaccharobacter celatus	0.02	0.02 - 0.55
Eu - Lawsonibacter asaccharolyticus	0.02	0.02 - 0.19
(/) - Victivallales bacterium CCUG 44730	0.07	0.01 - 0.3

APPENDICE II - Lista completa delle specie fungine identificate dal nostro test

Nel campione sono state ricercate un **totale di 20.157 specie fungine** e sono di seguito riportate quelle con un'abbondanza relativa rilevata maggiore dello 0.01%. Per consultare la lista di **TUTTE** le specie fungine che vengono ricercate all'interno del campione inquadrare il QRcode riportato qui sotto.

**BIBLIOGRAFIA**

Per consultare la bibliografia sulla quale è basato il nostro GUT TEST® inquadra il QRcode qui sotto.

