REFERTO MICROBIOMA VAGINALE

CODICE ANALISI: AAAN6LFP0022

Analisi richiesta:	Tipologia campione:	Età:	Sesso:	Data risultato:
VAGINA AMPLICON	**Tampone vaginale**	**35**	**Femminile**	**09/10/2025**

Il test permette di identificare la composizione batterica del microbioma vaginale rivelando eventuali squilibri e suggerendo strategie correttive basate su modifiche delle abitudini alimentari e sull'eventuale integrazione di probiotici a livello sistemico e topico. L'ambiente vaginale, in condizioni ottimali, presenta un microbiota con una bassa diversità batterica in cui predominano le specie di lattobacilli.
{nomeRapporto} può fornire informazioni utili per monitorare la salute vaginale e prevenire o rivelare la presenza di patologie infettive come vaginosi batteriche ricorrenti o problemi di infertilità. Questo test consiste nell'analisi massiva mediante sequenziamento di nuova generazione dell'intero gene procariotico che codifica il 16S rRNA.

COME FUNZIONA?

Il risultato non ha valore diagnostico ma rappresenta una fotografia della componente batterica del microbiota vaginale al momento del prelievo. Sulla base dell'identificazione dei principali phyla, generi e specie rilevati, viene identificata la composizione tassonomica del soggetto.
Confronta il microbiota di una paziente con una popolazione di riferimento composta da centinaia di soggetti sani e lo classifica in una delle 7 comunità batteriche (CST o tipo di stato comunitario) finora descritte Ravel et al. 2011). Ogni CST è dominata da una specie di lattobacillo, ad esempio *L. crispatus* CST I), *L. gasseri* CST II), *L. iners* CST III) o *L. jensenii* CST V), oppure da specie anaerobiche facoltative CST IV-A, IV-B, IV-C).
Il risultato è completato da un riepilogo delle informazioni ottenute e da una serie di raccomandazioni dietetiche e di indicazioni sui probiotici. Queste indicazioni devono essere valutate con un professionista qualificato, sulla base dell'anamnesi complessiva 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

SIMILARITÀ

Medio-alto

Paziente: **93.5%**

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

La diversità microbica vaginale svolge un ruolo significativo nella salute delle donne. Il microbioma vaginale è tipicamente poco diversificato a causa dell'alta prevalenza di specie di *Lactobacillus*, coinvolte nella produzione di acido lattico. L'acido lattico abbassa il pH vaginale, impedendo la proliferazione di altre specie, compresi potenziali patogeni. Oltre al *Lactobacillus*, altri microrganismi possono essere presenti in basse proporzioni.

COMMUNITY STATE TYPE

CST I

L. crispatus è la specie più abbondante nel CST I ed è stata spesso associata alla salute. Infatti, appare come la più stabile e distintiva di uno stato di salute. Durante il ciclo mestruale, le donne con CST I possono passare temporalmente alla CST III (*L. iners*) o alla CST IV-A. La CST I è stata associata anche allo stato socioeconomico; in uno studio, le donne con un'istruzione superiore presentavano con maggiore frequenza livelli elevati di *L. crispatus*.

POTENZIALE RIPRODUTTIVO

Ottimale

Le ricerche dimostrano che l'impoverimento dei lattobacilli e la maggiore presenza di batteri anaerobi (CST IV) sono associati all'infertilità. Inoltre, un'elevata dominanza di specifiche specie di lattobacilli (CST I, II, V), in particolare *L. crispatus* (CST I), sembra influire positivamente sul successo della fecondazione in vitro/trasferimento di embrioni. Una volta in gravidanza, si è visto che l'abbondanza di *Lactobacillus* può svolgere un ruolo di prevenzione degli aborti spontanei che si verificano nel primo trimestre.

PH PREVISTO

Ottimale

Paziente: **3.8-4.5**

Il pH svolge un ruolo cruciale nel microbioma vaginale, poiché influenza direttamente la composizione e la stabilità delle comunità microbiche. L'ambiente vaginale è normalmente leggermente acido, con un pH che varia da 3,5 a 4,5. Questa acidità è mantenuta principalmente dalla produzione di acido lattico da parte di alcune specie di batteri *Lactobacillus*.

PUNTEGGIO NUGENT PREVISTO

Paziente: **4-7**

Il punteggio di Nugent è un sistema utilizzato nella pratica clinica per diagnosticare la vaginosi batterica (BV). Il punteggio viene determinato valutando le proporzioni relative dei morfotipi di *Lactobacillus*, *Gardnerella vaginalis* e *Mobiluncus*. I punteggi individuali per ciascun batterio vengono sommati per ottenere un punteggio totale di Nugent che varia da 0 a 10. Un punteggio più alto indica una maggiore probabilità di BV.

RISCHIO DI VAGINOSI BATTERICA

Basso

La vaginosi batterica (BV) è una comune infezione vaginale caratterizzata da uno squilibrio del microbioma vaginale. Nella BV si verifica una diminuzione dei lattobacilli e una crescita eccessiva di altri batteri, tra cui *G. vaginalis*-, *A. vaginae* e *Prevotella*. Questo cambiamento altera il normale equilibrio microbico e porta a un aumento del pH vaginale. La BV è stata associata a infezioni delle vie urinarie (UTI), aumento del rischio di infertilità, infiammazione delle tube di Falloppio, esiti negativi della gravidanza e parto pretermine.

MALATTIE INFETTIVE

Non rilevate

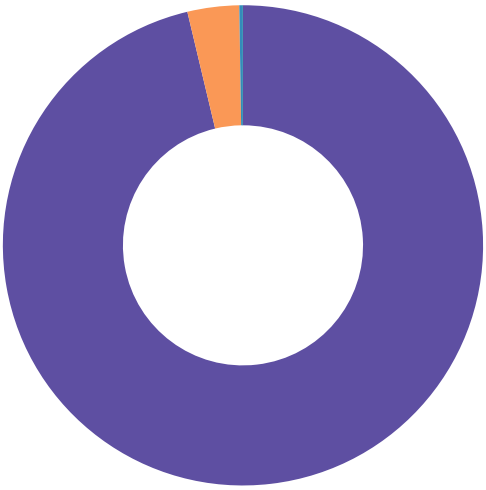
Questo riquadro dá una valutazione rapida delle infezioni nel microbioma vaginale della paziente. Quando è verde, non ci sono segni di candidosi, vaginosi batterica o malattie sessualmente trasmissibili (MST), il che suggerisce un microbioma vaginale sano. Quando il riquadro è rosso, indica il rilevamento di microrganismi con un'abbondanza superiore al previsto, suggerendo la possibile presenza di infezioni come candidosi, vaginosi batterica o MST. La comparsa del riquadro rosso dovrebbe indurre a una valutazione clinica approfondita.

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.

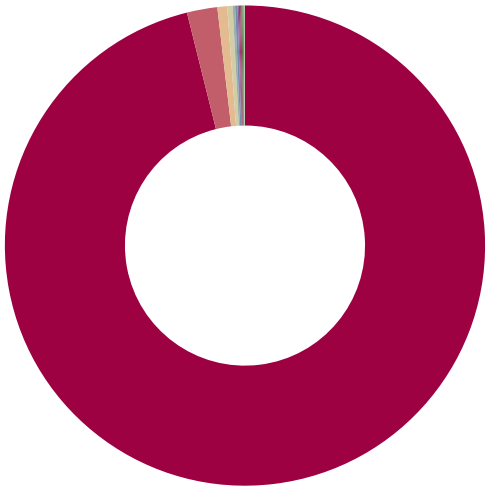
BATTERI

PHYLA



PHYLUM	VALORE RILEVATO (%)	VALORE RILEVATO (CLR)	VALORI DI RIFERIMENTO (CLR)	RISULTATO
Bacillota	96.3	16.39	12.77 ~ 16.77	Nella media
Pseudomonadota	3.48	13.07	4.12 ~ 9.84	Alto
Bacteroidota	0.25	10.42	6.46 ~ 12.06	Nella media
Altri taxa	0			

SPECIE



SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE RILEVATO (CLR)	VALORI DI RIFERIMENTO (CLR)	RISULTATO
Lactobacillus crispatus	96.1	18.26	16.43 ~ 18.37	Nella media
Pseudomonas aeruginosa	2.05	14.41	Non presente	Molto alto
Pseudomonas fluorescens	0.65	13.27	Non presente	Molto alto
unkn. Pseudomonas(g)	0.37	12.69	Non presente	Non significativo
Faecalibacterium prausnitzii	0.16	11.88	6.72 ~ 11.64	Non significativo
Moraxella osloensis	0.16	11.88	Non presente	Non significativo
Bacteroides stercoris	0.082	11.19	Non presente	Non significativo
Phocaeicola vulgatus	0.082	11.19	Non presente	Non significativo
Prevotella marseillensis	0.082	11.19	Non presente	Non significativo
Shigella flexneri	0.082	11.19	Non presente	Non significativo
unkn. Enterobacteriaceae(f)	0.082	11.19	Non presente	Non significativo
unkn. Klebsiella(g)	0.082	11.19	Non presente	Non significativo

ARCHAEA

SPECIE

Nessuno riportato sopra lo 0.0001%

STATO DI SALUTE

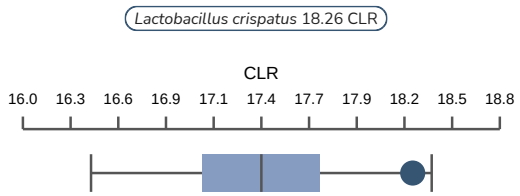
LEGENDA

- Molto alto
- Alto
- Nella media
- Basso
- Molto basso
- Non significativo
- Favorevole
- Neutro
- Sfavorevole
- Non significativo

I Community State Types (CST) sono classificazioni utilizzate per descrivere la composizione e la struttura del microbioma vaginale. I CST classificano i microbiomi in base alle specie batteriche dominanti e alle loro abbondanze relative, fornendo indicazioni sulle dinamiche della comunità e sulle associazioni con la salute. I CST non sono stabili durante il ciclo mestruale e sono altamente influenzati dal picco di estrogeni una settimana prima dell'ovulazione, poiché gli estrogeni stimolano l'accumulo di glicogeno. Inoltre, il background genetico, lo stile di vita e lo stato socioeconomico sono altri fattori che possono influenzare la CST di una donna. Le specie più importanti che descrivono la CST di un campione sono descritte di seguito.

SPECIE DI LACTOBACILLUS

L. CRISPATUS



Risultato

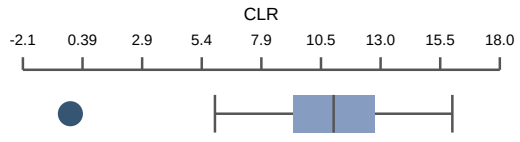
18.3 CLR (96.1%)

Popolazione: 16.4 ~ 18.4

L. crispatus è la specie più abbondante nella CST I ed è stata spesso associata alla salute. Infatti, appare come la più stabile e distintiva di uno stato di salute. Durante il ciclo mestruale, le donne con CST I possono passare temporalmente alla CST III (*L. iners*) o alla CST IV-A. La CST I è stata associata anche allo status socioeconomico; in uno studio, le donne con un'istruzione superiore presentavano con maggiore frequenza alti livelli di *L. crispatus*.

RIFERIMENTI: 10.3389/FMICB.2022.819958, 10.1016/J.TIM.2016.11.007, 10.1126/SCITRANSLMED.3003605, 10.1038/S41598-019-44157-8, 10.1186/S12934-020-01464-4, 10.3390/MICROORGANISMS11020298, 10.3390/NU12020419

L. GASSERI



Risultato

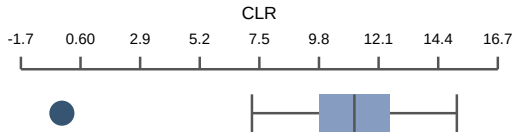
-0.12 CLR (0%)

Popolazione: 5.99 ~ 16.0

L. gasseri è la specie più abbondante nella CST II ed è stata spesso associata alla salute. La transizione a un'altra CST non è stata segnalata durante il ciclo mestruale. Invece, la transizione alla CST I potrebbe verificarsi raramente durante la gravidanza. Inoltre, la perimenopausa, che di solito si verifica diversi anni prima della menopausa ed è caratterizzata da cambiamenti ormonali, è stata associata alla CST II o alla CST IV-C.

RIFERIMENTI: 10.3389/FMICB.2022.819958, 10.1097/GME.0B013E3182A4690B, 10.1186/S12934-020-01464-4, 10.3390/NU12020419

L. INERS



Risultato

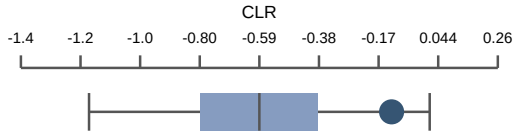
-0.12 CLR (0%)

Popolazione: 7.23 ~ 15.2

L. iners è la specie più abbondante nella CST III. Questa CST è controversa, poiché è stata associata sia alla salute che alla disbiosi, e spesso alla BV. A differenza di *L. crispatus* (CST I) e *L. gasseri* (CST II), che possono produrre sia acido D-lattico che acido L-lattico, *L. iners* può produrre solo acido L-lattico perché manca del gene *LDHD*. L'acido L-lattico ha un effetto inibitorio minore rispetto al D-lattato e potrebbe stimolare la rottura della matrice extracellulare, diminuendo così l'efficacia nel prevenire l'invasione di agenti patogeni. In questa CST, il pH vaginale tende a essere più elevato rispetto alle altre CST a prevalenza di *Lactobacillus*. È più diffusa tra le donne asiatiche.

RIFERIMENTI: 10.3389/FMICB.2022.819958, 10.3389/FCIMB.2021.792787, 10.1186/S12934-020-01464-4, 10.3390/NU12020419

L. JENSENII



Risultato

-0.12 CLR (0%)

Popolazione: -1.20 ~ 0.014

L. jensenii è la specie più abbondante nel CST V ed è stata spesso associata alla salute. A differenza di *L. crispatus* (CST I) e *L. gasseri* (CST II), che possono produrre sia acido D-lattico che acido L-lattico, e di *L. iners*, che può produrre solo acido L-lattico, *L. jensenii* produce solo acido D-lattico. L'acido D-lattico è più efficace dell'acido L-lattico nel prevenire l'invasione di agenti patogeni. Non è stata segnalata la transizione a un'altra CST.

RIFERIMENTI: 10.3389/FMICB.2022.819958, 10.3389/FCIMB.2021.792787, 10.1186/S12934-020-01464-4, 10.3390/NU12020419

SPECIE PREVALENTI IN CST IV

GARDNERELLA VAGINALIS

Risultato

-0.12 CLR (0%)

Popolazione: -1.16 ~ 0.012

Gardnerella vaginalis è prevalente e presente in notevole abbondanza nei CST IV-A e IV-B. Il CST IV è caratterizzato da una bassa abbondanza di specie di *Lactobacillus*. La CST IV-B contiene un'elevata abbondanza relativa di *Gardnerella vaginalis* e una bassa abbondanza relativa di *Clostridiales genomosp. BVAB1-*. Entrambe le CST presentano solitamente punteggi Nugent elevati e sono state associate alla vaginosi batterica (BV).

RIFERIMENTI: 10.3389/FMICB.2022.819958, 10.3389/FCIMB.2021.792787, 10.1186/S12934-020-01464-4, 10.3389/FCIMB.2021.631972, 10.3390/NU12020419, 10.1186/S40168-020-00934-6

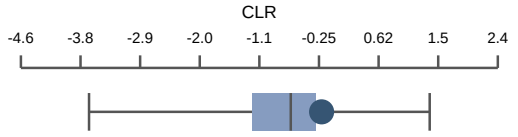
FANNYHESSEA VAGINAE

Risultato =
-0.12 CLR (0%)
Popolazione: -1.18 ~ 0.041

Fannyhessea vaginae (previamente conosciuto come *Atopobium vaginae*) è un batterio che non è tipicamente presente in un microbioma vaginale sano. *F. vaginae* è stato associato allo sviluppo e alla persistenza della Vaginosi Batterica (BV); può formare biofilm insieme a *Gardnerella vaginalis*. Livelli elevati sono anche legati a condizioni quali cervicite, malattia infiammatoria pelvica ed esiti negativi della gravidanza.

RIFERIMENTI: 10.3389/FCIMB.2023.1278921, 10.3390/DIAGNOSTICS12081948, 10.3390/PATHOGENS10020247, 10.3389/FCIMB.2020.00083, 10.3390/DIAGNOSTICS13050877, 10.3390/MICROORGANISMS11020298

RAPPORTO FANNYHESSEA-GARDNERELLA

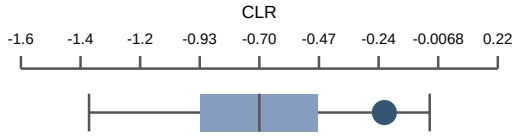


Risultato =
-0.22 Log10 Ratio
Popolazione: -3.64 ~ 1.38

La relazione tra *Gardnerella* e *Fannyhessea* (ex *Atopobium*) nel microbioma vaginale è interessante a causa della sua associazione con la vaginosi batterica (BV). *Gardnerella vaginalis* is commonly found in women with BV and is capable of forming biofilms. Anche *Fannyhessea vaginae* si trova frequentemente nella BV ed è spesso associato a biofilm formati da *G. vaginalis*. È stato osservato che la presenza isolata di *Gardnerella* (rapporto basso) tende a produrre punteggi Nugent elevati, ma ancora più elevati quando è presente *Fannyhessea* (rapporto alto).

RIFERIMENTI: 10.3389/FCIMB.2020.00083, 10.1136/SEXTRANS-2015-052475

BIFIDOBACTERIUM

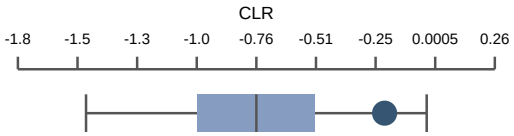


Risultato =
-0.22 CLR (0%)
Popolazione: -1.36 ~ -0.040

L'elevata abbondanza di *Bifidobacterium* indica un allontanamento dallo stato ottimale dominato da *Lactobacillus*. Tuttavia, a differenza di altri generi diversi dal *Lactobacillus*, il *Bifidobacterium* contribuisce all'equilibrio della flora vaginale producendo acido lattico e composti antimicrobici, che aiutano a mantenere un pH acido e proteggono dagli invasori patogeni. Inoltre, questo genere supporta il sistema immunitario modulando le risposte immunitarie locali nella mucosa vaginale.

RIFERIMENTI: 10.1371/JOURNAL.PONE.0196290, 10.3389/FMICB.2019.02451, 10.3390/MICROORGANISMS11020298

ENTEROCOCCUS

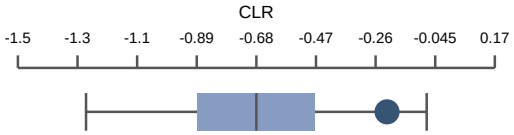


Risultato =
-0.22 CLR (0%)
Popolazione: -1.49 ~ -0.036

L'*Enterococco*, pur trovandosi prevalentemente nel microbioma intestinale, può essere presente anche nel microbioma vaginale. Tuttavia, la sua abbondanza nella vagina è tipicamente molto inferiore rispetto alle specie di *Lactobacillus*-. Livelli elevati di *Enterococcus* nel microbioma vaginale sono stati associati a condizioni come la vaginosi batterica (BV) e l'infiammazione vaginale. Questa crescita eccessiva di *Enterococco* può alterare l'equilibrio naturale della flora vaginale, portando a una maggiore suscettibilità alle infezioni e alle risposte infiammatorie.

RIFERIMENTI: 10.3390/MICROORGANISMS9122568, 10.1038/S41598-023-36126-Z, 10.5455/MSM.2022.34.291-295

MOBILUNCUS

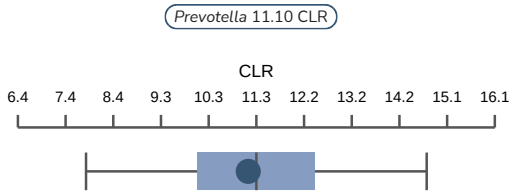


Risultato =
-0.22 CLR (0%)
Popolazione: -1.28 ~ -0.075

Il *Mobiluncus* è noto per la sua capacità di metabolizzare l'acido malico, con conseguente produzione di sottoprodotti irritanti che possono influire sulla mucosa vaginale. La conversione dell'acido malico può anche contribuire al caratteristico odore associato alla vaginosi batterica (BV), una condizione in cui le specie di *Mobiluncus* (*Mobiluncus curtisii* e *Mobiluncus mulieris*) sono spesso coinvolte. L'elevata presenza di specie di *Mobiluncus* è stata collegata a infiammazione, punteggi Nugent elevati e nascita pretermine.

RIFERIMENTI: 10.1016/J.EIMCE.2019.06.001, 10.3390/IJERPH110706979, 10.3389/FCIMB.2021.759697

PREVOTELLA

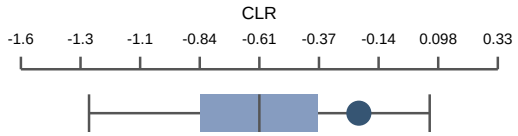


Risultato =
11.1 CLR (0.082%)
Popolazione: 7.81 ~ 14.7

Le specie di *Prevotella* svolgono un ruolo significativo nel microbioma vaginale, in particolare nel contesto della vaginosi batterica (BV). Contribuiscono alla degradazione dello strato protettivo di muco attraverso la produzione di sialidasi, alterando l'ambiente vaginale. La sua presenza è stata collegata a esiti negativi per la salute, tra cui il parto pretermine. Inoltre, *Prevotella* mostra un'elevata ereditabilità e reattività a fattori dell'ospite come l'indice di massa corporea (maggiore prevalenza nelle donne obese).

RIFERIMENTI: 10.1093/INFDIS/JIY705, 10.1016/J.CHOM.2016.11.010, 10.1101/2024.01.09.574895, 10.3389/FCIMB.2021.686167

STAPHYLOCOCCUS

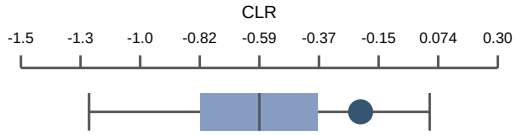


Risultato =
-0.22 CLR (0%)
Popolazione: -1.28 ~ 0.064

Lo *Staphylococcus*, compreso lo *Staphylococcus aureus*, può abitare il microbioma vaginale, anche se meno comunemente di altri batteri. Sebbene sia tipicamente associato alla colonizzazione cutanea e nasale, la sua presenza in vagina può portare a disbiosi e a condizioni potenzialmente gravi come la vaginite aerobica o la sindrome da shock tossico mestruale.

RIFERIMENTI: 10.1016/J.TIM.2023.12.005, 10.1016/J.EIMC.2018.11.009, 10.1038/S41598-018-28116-3

STREPTOCOCCUS



Risultato =
-0.22 CLR (0%)
Popolazione: -1.23 ~ 0.042

Le specie di *Streptococcus* sono principalmente anaerobiche facoltative. Sebbene siano meno comuni nel microbioma vaginale rispetto al *Lactobacillus*, alcune specie di *Streptococcus* possono essere presenti e problematiche. Le specie più diffuse sono *Streptococcus agalactiae* e *Streptococcus anginosus*. Lo *Streptococcus anginosus* è stato associato a vaginiti aerobiche e infiammazioni. Invece, altre specie di *Streptococco*, come lo *Streptococco* di gruppo B (*Streptococco agalactiae*), possono essere associate a esiti avversi in gravidanza, tra cui parto pretermine e infezioni neonatali.

RIFERIMENTI: 10.1016/J.TIM.2023.12.005, 10.1016/J.EIMC.2018.11.009, 10.1038/S41598-018-28116-3

MICROORGANISMI POTENZIALMENTE PATOGENI

Microorganismi potenzialmente patogeni possono essere presenti in modeste quantità nel microbiota vaginale di persone sane, in determinate condizioni possono proliferare e prendere il sopravvento causando disturbi vaginali. In caso vengano riscontrati valori al di sopra della media di popolazione, si consiglia di sottoporre l'analisi al proprio specialista ed eventualmente eseguire accertamenti diagnostici. Ove indicato *non rilevato*, non si esclude che possa essere presente una quantità fisiologica dei microorganismi ricercati.

MICROORGANISMO	NON RILEVATO / NON SIGNIFICATIVO / LIVELLI FISIOLOGICI	RILEVATO FUORI DALL'INTERVALLO FISIOLOGICO
Bacteroides fragilis	✓	
Chlamydia trachomatis	✓	
Escherichia coli	✓	
Fannyhessea vaginae	✓	
Gardnerella vaginalis	✓	
Haemophilus ducreyi	✓	
Metamycoplasma hominis	✓	
Mobiluncus curtisii	✓	
Mobiluncus mulieris	✓	
Mycoplasmoides genitalium	✓	
Neisseria gonorrhoeae	✓	
Peptostreptococcus anaerobius	✓	
Prevotella bivia	✓	
Staphylococcus aureus	✓	
Streptococcus agalactiae	✓	
Treponema pallidum	✓	
Ureaplasma parvum	✓	
Ureaplasma urealyticum	✓	

AZIONI

RIEPILOGO DELL'ANALISI

I risultati dell'analisi non mostrano disbiosi significative nel microbioma del paziente.

RACCOMANDAZIONI

Per mantenere la salute ottimale del microbioma vaginale, è essenziale dare priorità alle pratiche che favoriscono il corretto equilibrio microbico. In primo luogo, è fondamentale mantenere una buona igiene, senza usare eccessivamente saponi aggressivi o lavande vaginali, che possono alterare l'equilibrio naturale del pH. Scegliere biancheria intima in tessuti traspiranti come il cotone ed evitare indumenti aderenti può aiutare a ridurre i livelli di umidità, creando un ambiente meno favorevole alla crescita di potenziali patogeni opportunisti. Inoltre, praticare sesso sicuro può aiutare a prevenire la trasmissione di infezioni sessualmente trasmissibili che possono alterare il microbioma. Mangiare una dieta equilibrata ricca di fibre, antiossidanti e alimenti ricchi di probiotici come lo yogurt o il kefir può sostenere la funzione immunitaria generale e la diversità microbica. Infine, mantenersi idratati, gestire i livelli di stress ed evitare, quando possibile, l'uso di antibiotici non necessari può aiutare a mantenere un microbioma vaginale sano. Controlli regolari con un operatore sanitario possono inoltre aiutare a monitorare la salute della vagina e ad affrontare tempestivamente eventuali problemi.

LIMITI DEL TEST

Il Test non ha valenza diagnostica; il test permette di identificare la composizione della popolazione del microbiota vaginale e di effettuare una correlazione con le maggiori funzioni fisiologiche. Il profilo identificato non esclude la possibilità che vi siano microrganismi non rilevati. L'analisi bioinformatica potrebbe non essere in grado di classificare i batteri rilevati fino al livello della specie. Inoltre, il metodo non consente di valutare la vitalità dei microbi identificati. Il risultato ottenuto rappresenta un fotografia della situazione al momento in cui il campione è stato raccolto e può subire variazioni sulla base del tipo di dieta o dell'assunzione di supplementi o medicinali. I suggerimenti e le raccomandazioni di probiotici o supplementi non rappresentano in alcun modo piani terapeutici o nutrizionali. Qualunque modifica dello stile di vita e della dieta, così come eventuali interventi farmacologici, devono essere valutati nell'ambito di una consulenza con un professionista qualificato e non possono prescindere da un corretto inquadramento anamnestico della paziente né da eventuali ulteriori indagini.

Firma (Nome e Cognome)

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	Lactobacillus crispatus	96.11 / 18.26	16.43 ~ 18.37	=
Batteri	**Pseudomonadota**	**Pseudomonas aeruginosa**	**2.05 / 14.41**	**Non presente**	⌃⌃
Batteri	**Pseudomonadota**	**Pseudomonas fluorescens**	**0.65 / 13.27**	**Non presente**	⌃⌃
Batteri	Pseudomonadota	unkn. Pseudomonas(g)	0.37 / 12.69	Non presente	○
Batteri	Bacillota	Faecalibacterium prausnitzii	0.16 / 11.88	6.72 ~ 11.64	○
Batteri	Pseudomonadota	Moraxella osloensis	0.16 / 11.88	Non presente	○
Batteri	Bacteroidota	Bacteroides stercoris	0.082 / 11.19	Non presente	○
Batteri	Bacteroidota	Phocaeicola vulgatus	0.082 / 11.19	Non presente	○
Batteri	Bacteroidota	Prevotella marseillensis	0.082 / 11.19	Non presente	○
Batteri	Pseudomonadota	Shigella flexneri	0.082 / 11.19	Non presente	○
Batteri	Pseudomonadota	unkn. Enterobacteriaceae(f)	0.082 / 11.19	Non presente	○
Batteri	Pseudomonadota	unkn. Klebsiella(g)	0.082 / 11.19	Non presente	○