

-- RAPPORT D'ANALYSE --

Synthèse

Vue d'ensemble de votre microbiote intestinal

ID: RG-TEST-002 | Date: 12/05/2026 | Séquençage métagénomique shotgun - 20M reads - PE150

Ce rapport présente vos résultats en les comparant à ceux obtenus sur la cohorte Nahibu.

227

Richesse

OPTIMAL

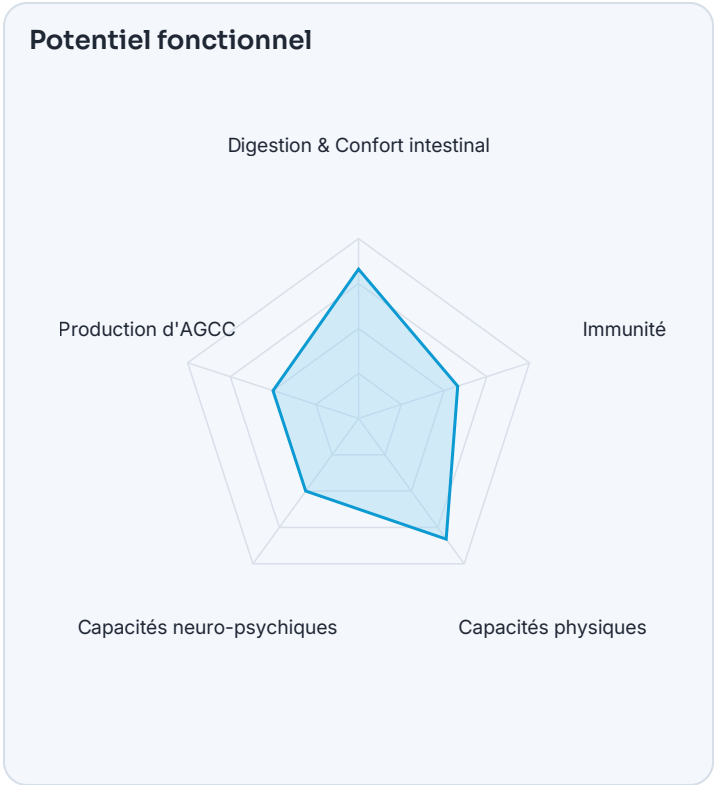
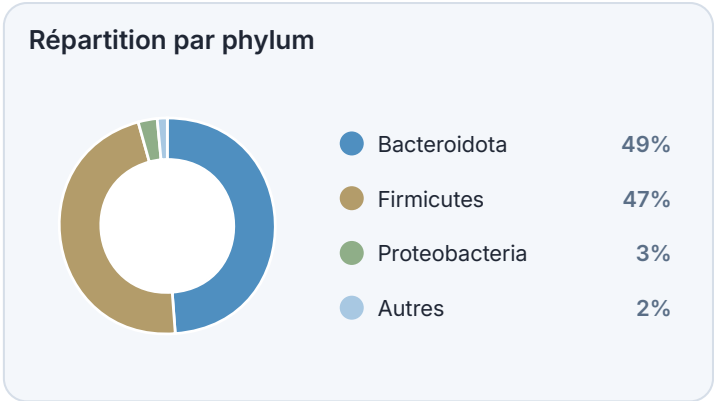
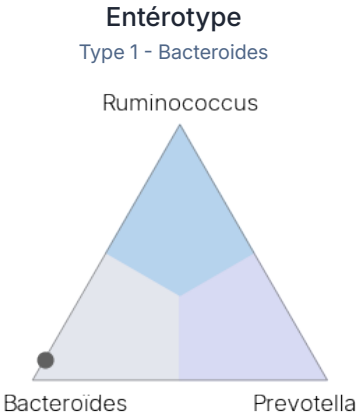
Nombre d'espèces différentes détectées

4,09

Diversité

OPTIMAL

Indice de Shannon - Évalue la répartition des espèces



Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.

— ACTIVITÉ MICROBIENNE —

Potentiel fonctionnel

Aperçu des fonctions portées par le microbiote

① Le séquençage shotgun explore l'intégralité du matériel génétique de l'échantillon, permettant d'identifier les fonctions que les micro-organismes présents sont en mesure d'exercer. Ces résultats, fondés sur les gènes effectivement séquencés, reflètent le potentiel fonctionnel du microbiote.

Production d'AGCC

ACIDES GRAS À CHAÎNE COURTE

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Butyrate	● Améliorable	
Acétate	● Optimal	
Lactate	● Optimal	
Propionate	● Améliorable	

Digestion et confort intestinal

BALLONNEMENTS-GAZ

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Sulfure d'hydrogène	● Correct	

ACIDES ET REFLUX

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Lactate	● Optimal	

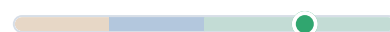
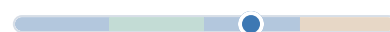
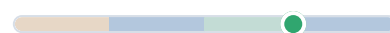
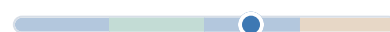
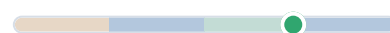
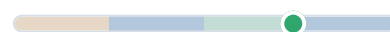
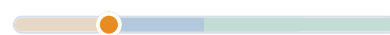
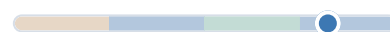
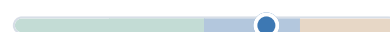
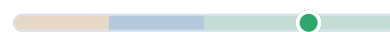
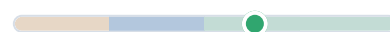
SATIÉTÉ

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Acétate, lactate, propionate	● Optimal	

RÉGULATION DU MÉTABOLISME DES ACIDES GRAS

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Spermidine	● Correct	

Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.



Capacités neuro-psychiques

FONCTIONNEMENT GÉNÉRAL DU CERVEAU

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Histidine	Correct	

CAPACITÉS COGNITIVES ET MÉMOIRE

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Tétrahydrofolate	Améliorable	
Butyrate	Améliorable	

SOMMEIL

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Butyrate	Améliorable	
GABA	Correct	
Tryptophane	Optimal	

DÉPRESSION, TROUBLES DE L'HUMEUR

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
GABA	Correct	
Tyrosine	Correct	

STRESS, ANXIÉTÉ

COMPOSÉ	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Pantothénate	Optimal	
GABA	Correct	
Tryptophane	Optimal	
Tyrosine	Correct	

Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.

ANALYSE BACTÉRIENNE

Composition taxonomique

Genre et espèces d'intérêt détectés

Richesse

227 espèces différentes détectées

Améliorable Correct Optimal

Diversité (indice de Shannon)

4,09 — répartition des espèces

Améliorable Correct Optimal

Le séquençage shotgun identifie les micro-organismes présents dans l'échantillon jusqu'à l'espèce. L'abondance relative de chaque taxon détecté correspond à la part (%) qu'il occupe au sein du microbiote intestinal. Un descriptif synthétique de chaque bactérie d'intérêt et la table d'abondance complète sont disponibles en annexe.

Genres d'intérêt

TAXON	%	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Coprococcus	1.79%	Optimal	
Bifidobacterium	0.28%	Correct	
Dialister	0.27%	Correct	

Espèces à impact positif

TAXON	%	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Faecalibacterium prausnitzii	3.54%	Correct	
Eubacterium hallii (Non détecté)	-	Améliorable	
Bifidobacterium longum	0.01%	Correct	
Roseburia intestinalis	0.03%	Correct	
Akkermansia muciniphila	0.01%	Correct	
Veillonella atypica (Non détecté)	-	Correct	

Espèces à impact négatif

TAXON	%	STATUT	COMPARAISON COHORTE
Bilophila wadsworthia	0.13%	Correct	
Clostridioides difficile (Non détecté)	-	Optimal	
Ruminococcus gnavus (Non détecté)	-	Optimal	

Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.

-- PROTOCOLE NAHIBU --

Méthodologie

Processus et pipeline d'analyse

La métagénomique shotgun consiste à séquencer l'intégralité de l'ADN présent dans un échantillon, sans ciblage préalable d'une région génomique. Les fragments produits sont analysés pour identifier les micro-organismes présents et reconstruire les voies métaboliques qu'ils portent. En une seule expérience, cette approche couvre à la fois la composition et le potentiel fonctionnel du microbiome intestinal.

Processus et pipeline d'analyse Nahibu

1

Collecte et conservation

L'échantillon est prélevé à domicile à l'aide d'un kit standardisé. Un milieu stabilisant préserve l'intégrité de l'ADN microbien durant la chaîne logistique à température ambiante.

2

Extraction de l'ADN

L'ADN est extrait de chaque échantillon selon un protocole standardisé dans notre laboratoire, assurant une lyse efficace des parois cellulaires microbiennes et une qualité d'extraction reproductible.

3

Séquençage shotgun

Le séquençage shotgun est réalisé avec une profondeur ciblée de 20 millions de lectures (PE150), un standard recommandé pour l'exploration du microbiote intestinal.

4

Contrôle qualité, décontamination et normalisation

L'analyse repose sur un sous-échantillonnage à 3 millions de lectures, un contrôle qualité et la suppression des séquences de l'hôte, afin de garantir la comparabilité des échantillons.

5

Profilage taxonomique et fonctionnel

Une identification taxonomique jusqu'à l'espèce et une exploration du potentiel fonctionnel (grandes fonctions métaboliques) sont réalisées pour chaque échantillon.

Portée et limites de l'analyse

Portée de l'analyse

En séquençant l'intégralité de l'ADN de l'échantillon, cette approche capture l'ensemble des micro-organismes présents avec une résolution pouvant aller jusqu'à l'espèce. Elle donne également accès au potentiel fonctionnel du microbiome : les voies métaboliques sont inférées directement à partir des gènes détectés, sans ciblage préalable. Aucun biais d'amplification n'altère la proportionnalité de la mesure.

Limites de l'analyse

Le séquençage shotgun fournit une image du microbiome à un instant donné, sachant que sa composition varie naturellement selon l'alimentation, le transit ou les traitements médicamenteux. De plus, les gènes détectés renseignent sur un potentiel métabolique, et non sur une activité mesurée. Enfin, une fraction des séquences ne correspond à aucun micro-organisme connu, car une partie de la diversité microbienne humaine reste encore inexplorée.

-- ANNEXES --

Bactéries d'intérêt

- *Akkermansia muciniphila*

A. muciniphila contribue à renforcer la barrière intestinale, permet de lutter contre la prise de poids, a un rôle anti-inflammatoire et est associée à un bon état de santé général.

- *Bifidobacterium*

Les *Bifidobacterium* font partie des bactéries bénéfiques les plus abondantes du microbiote intestinal. Certaines contribuent au renforcement du système immunitaire et de la barrière intestinale, à la réduction de la diarrhée, à l'amélioration des inconforts digestifs et à la protection contre les bactéries pathogènes.

- *Bifidobacterium longum*

B. longum est commercialisée en tant que probiotique. Elle possède des effets anti-inflammatoires et semble améliorer les symptômes des personnes souffrant de constipation, de maladie coeliaque ou de rectocolite hémorragique.

- *Bilophila wadsworthia*

B. wadsworthia présente des propriétés inflammatoires et semble aggraver les désordres métaboliques chez les personnes ayant une alimentation riche en graisses. Son abondance peut être augmentée si le régime alimentaire est riche en graisses saturées ou dans le cadre d'un régime pauvre en FODMAP.

- *Clostridioides difficile*

C. difficile est une bactérie pathogène responsable de la majorité des infections nosocomiales dans le monde. Elle induit des effets divers allant de diarrhées légères à des pathologies intestinales sévères.

- *Coprococcus*

Le genre *Coprococcus* est associé à une bonne qualité de vie. Producteur de butyrate, il présente des propriétés anti-inflammatoires et un rôle potentiel dans la prévention du cancer colorectal. Une abondance réduite a été observée chez des individus présentant des symptômes dépressifs, sans lien causal établi.

- *Dialister*

Dialister est un genre bactérien naturellement présent dans le microbiote humain, où il joue un rôle important dans l'équilibre microbien. Il participe au métabolisme de composés comme les AGCC, contribue à la modulation du système immunitaire et pourrait également être impliqué dans la régulation de la santé mentale.

- *Eubacterium hallii*

E. hallii est une espèce productrice de butyrate et de propionate, deux composés bénéfiques pour la santé.

- *Faecalibacterium prausnitzii*

F. prausnitzii est l'une des espèces les plus abondantes du microbiote intestinal. Productrice de butyrate, un composé anti-inflammatoire, elle contribue à la bonne santé intestinale en nourrissant les cellules du colon et en renforçant la barrière intestinale.

- *Roseburia intestinalis*

R. intestinalis fait partie des espèces dominantes du microbiote intestinal. Productrice de butyrate, elle participe au bon fonctionnement de la barrière intestinale et possède des propriétés anti-inflammatoires.

- *Ruminococcus gnavus*

R. gnavus est une espèce commensale (commune) de l'intestin. Elle possède un fort potentiel inflammatoire.



- *Veillonella atypica*

V. atypica semble favoriser la croissance de nombreux autres microorganismes, notamment des bactéries bénéfiques pour l'hôte. Elle participe également à l'élimination de composés potentiellement néfastes produits par les bactéries qui cohabitent dans le système digestif. Majoritairement retrouvée dans le microbiote des sportifs, elle semble augmenter les performances physiques en transformant l'acide lactique produit lors de l'effort.

Composés d'intérêt

- Acétate

Cet acide gras volatil produit par les bactéries et transporté vers les organes par le sang est une source privilégiée d'énergie pour les muscles. Également impliqué dans l'expression des cellules immunitaires, sa concentration augmente en cas d'infection pour soutenir la réponse immunitaire adaptative.

- Acétate, Lactate, Propionate

Ces acides gras volatiles sont impliqués dans la régulation de la satiété en inhibant la sécrétion d'hormones par les cellules de la muqueuse du côlon et en favorisant la sécrétion de peptides et d'hormones agissant sur le système nerveux central. Une forte concentration entraîne une réduction de l'appétit.

- Adénosylcobalamine

L'adénosylcobalamine est l'une des formes actives de la vitamine B12. Elle est majoritairement issue de l'alimentation mais peut être produite par certaines bactéries réduisant le risque de carences. Elle est impliquée dans la synthèse d'acides aminés essentiels pour le microbiote et l'hôte. Elle joue également un rôle dans la régulation du métabolisme des acides gras et le développement cellulaire.

- Butyrate

Acide gras à chaîne courte produit par le microbiote intestinal lors de la fermentation des fibres. Principal nutriment des cellules de la muqueuse intestinale, il stimule la production de mucus contribuant ainsi au maintien des tissus du tube digestif. Le butyrate possède également des propriétés anti-inflammatoires et favorise l'endormissement et les phases de sommeil profond.

- GABA

Le GABA (acide gamma-aminobutyric) inhibe les neurones pour leur éviter une constante excitation. Le GABA doit être maintenu en équilibre avec le glutamate afin de limiter les risques d'épilepsie.

- Histidine

Composé indispensable dans la synthèse de l'hémoglobine, elle joue un rôle essentiel dans la santé artérielle. Elle contribue également à une bonne santé neurologique en protégeant les cellules nerveuses. Une concentration suffisante d'histidine permet de limiter la fatigue mentale et favorise une bonne mémoire ainsi qu'un sommeil de qualité. Cependant, un excès d'histidine peut être source de stress et d'anxiété.

- Lactate

L'acidité apportée par le lactate réduit le développement de bactéries potentiellement pathogènes, mais il est nécessaire de parvenir à un équilibre pour ne pas trop acidifier l'intestin. Sa présence est directement liée à une augmentation de l'acidité locale via une augmentation de la concentration des bactéries productrices de lactate et une diminution des bactéries utilisant le lactate.

- Ménaquinone

La ménaquinone est la forme de vitamine K produite par les bactéries. Elle participe aux métabolismes cardio-vasculaires et osseux, à la croissance cellulaire et à l'immunité. La ménaquinone favorise aussi le développement de bactéries bénéfiques et limite le développement de pathogènes et limite celui des pathogènes.



- **Pantothénate**

Le pantothénate, ou vitamine B5, est impliqué dans les mécanismes régulateurs de l'adrénaline, de l'insuline et de la porphyrine (précurseur de l'hémoglobine). Il possède des propriétés anti-stress et participe à la réduction de la fatigue.

- **Propionate**

Le propionate joue un rôle dans la régulation de la satiété et inhibe la formation des graisses et du cholestérol. Il est étudié pour son rôle potentiel dans la prévention de l'obésité et du diabète, et pourrait exercer des propriétés anti-infectieuses.

- **Putrescine, spermidine**

La putrescine et la spermidine sont des polyamines retrouvées dans l'intestin dont une partie est produite par le microbiote intestinal. Elles participent à la régulation de la croissance cellulaire et à la maturation des intestins. Une partie de ces polyamines est utilisée par les bactéries dans la formation de biofilms jouant un rôle protecteur au niveau de la paroi intestinale. Une concentration excessive peut être associée à des risques de cancers et à des inflammations chroniques.

- **Spermidine**

La spermidine est une polyamine produite par le microbiote intestinal. Elle participe à la réduction de l'adiposité et l'accumulation de matières grasses dans le foie. La spermidine aide donc à lutter contre l'obésité induite par l'alimentation.

- **Sulfure d'hydrogène**

À faible concentration, le sulfure d'hydrogène réduit l'inflammation du tube digestif. Il stabilise le mucus et les populations bactériennes, renforçant l'effet barrière du microbiote intestinal. Un excès de sulfure d'hydrogène produit par les bactéries peut entraîner une irritation et une inflammation des intestins. Ce gaz, lorsqu'il est absorbé par l'organisme, peut être lié à des problèmes d'hypertension.

- **Tétrahydrofolate**

Le tétrahydrofolate est la forme active de la vitamine B9 et peut être synthétisé par les bactéries intestinales. Il est impliqué dans le développement du système nerveux et dans la maintenance des fonctions cognitives.

- **Tryptophane**

Le tryptophane est un acide aminé essentiel précurseur de la sérotonine et de la mélatonine. Il favorise un bon sommeil et permet de lutter contre le stress.

- **Tyrosine**

La tyrosine est un acide aminé précurseur de la dopamine, de l'adrénaline et de la noradrénaline. Elle contribue au maintien de l'équilibre du système nerveux en jouant un rôle important dans la régulation de la motivation, de l'humeur et du stress.



ANNEXES

Table d'abondance taxonomique

PHYLUM	CLASSE	ORDRE	FAMILLE	GENRE	ESPÈCE	ABONDANCE
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_uniformis	10,075%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Phocaeicola	Phocaeicola_vulgatus	7,846%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Segatella	Segatella_copri	6,901%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Segatella	Segatella_hominis	5,265%
Firmicutes	CFGB38642	OFGB38642	FGB38642	GGB9758	GGB9758_SGB15368	4,687%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Roseburia	Roseburia_faecis	3,998%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Faecalibacterium	Faecalibacterium_prausnitzii	3,538%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospira	Lachnospira_pectinoschiza	3,072%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillospiraceae_unclassified	Eubacterium_siraeum	2,718%
Bacteroidota	CFGB35002	OFGB35002	FGB35002	GGB11117	GGB11117_SGB17823	2,538%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospiraceae_unclassified	Eubacterium_rectale	2,510%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_putredinis	1,926%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Coprococcus	Coprococcus_eutactus	1,737%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Faecalibacterium	Faecalibacterium_SGB15346	1,572%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	Parabacteroides_merdae	1,562%
Bacteroidota	CFGB4405	OFGB4405	FGB4405	GGB1266	GGB1266_SGB1699	1,307%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_nderdonkii	1,244%
Proteobacteria	CFGB10055	OFGB10055	FGB10055	GGB6606	GGB6606_SGB9340	1,041%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_ovatus	1,013%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Barnesiellaceae	Barnesiella	Barnesiella_intestinihominis	0,973%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_caccae	0,951%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_fragilis	0,847%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospira	Lachnospira_eligens	0,803%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Phocaeicola	Phocaeicola_dorei	0,796%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Brotolimicola	Brotolimicola_acetigignens	0,752%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	Oscillibacter_sp_ER4	0,728%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_thetaiotaomicron	0,725%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_SGB4909	0,667%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_sp_AF36_4	0,613%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	Ruminococcus_bromii	0,577%
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Parasutterella	Parasutterella_excrementihominis	0,557%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Odoribacteraceae	Odoribacter	Odoribacter_splanchnicus	0,554%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_fessum	0,541%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9635	GGB9635_SGB15106	0,538%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_unclassified	Gemmiger	Gemmiger_formicilis	0,523%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_incertae_sedis	Candidatus_Cibionibacter	Candidatus_Cibionibacter_quicibialis	0,514%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9699	GGB9699_SGB15216	0,511%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	Parabacteroides_distasonis	0,510%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospira	Lachnospira_sp_NSJ_43	0,500%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_cellulosilyticus	0,481%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_sp_AF20_17LB	0,470%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	Ruminococcus_bicirculans	0,461%
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia	Escherichia_coli	0,459%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_xylanisolvens	0,427%
Firmicutes	CFGB74971	OFGB74971	FGB74971	GGB9334	GGB9334_SGB14298	0,421%
Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	Phascolarctobacterium_faecium	0,406%

Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.

PHYLUM	CLASSE	ORDRE	FAMILLE	GENRE	ESPÈCE	ABONDANCE
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_communis	0,403%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Faecalibacterium	Faecalibacterium_sp_HTF	0,397%
Firmicutes	CFGB9119	OFGB9119	FGB9119	GGB4651	GGB4651_SGB6438	0,393%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_gallinaceum	0,376%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9595	GGB9595_SGB15019	0,354%
Proteobacteria	CFGB2403	OFGB2403	FGB2403	GGB6601	GGB6601_SGB9333	0,351%
Tenericutes	CFGB1789	OFGB1789	FGB1789	GGB4754	GGB4754_SGB6584	0,340%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_sp_AM22_11AC	0,321%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_finegoldii	0,311%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Roseburia	Roseburia_hominis	0,308%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_senegalensis	0,301%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB33469	GGB33469_SGB15236	0,300%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Roseburia	Roseburia_inulinivorans	0,299%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	Ruminococcus_SGB4421	0,293%
Firmicutes	CFGB1380	OFGB1380	FGB1380	GGB3364	GGB3364_SGB4449	0,292%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Fusicatenibacter	Fusicatenibacter_saccharivorans	0,280%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9614	GGB9614_SGB15049	0,269%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_unclassified	Eubacteriales_unclassified	Bacteroides_pectinophilus	0,253%
Firmicutes	CFGB79294	OFGB79294	FGB79294	GGB9677	GGB9677_SGB15179	0,253%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9715	GGB9715_SGB15265	0,252%
Firmicutes	CFGB47591	OFGB47591	FGB47591	GGB9746	GGB9746_SGB15352	0,241%
Firmicutes	CFGB3062	OFGB3062	FGB3062	GGB9747	GGB9747_SGB15356	0,235%
Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Dialister	Dialister_hominis	0,234%
Actinobacteria	Actinomycetia	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	Bifidobacterium_adolescentis	0,230%
Candidatus_Melainabacteria	CFGB2107	OFGB2107	FGB2107	GGB6012	GGB6012_SGB8640	0,230%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	Oscillibacter_sp_MSJ_31	0,227%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9708	GGB9708_SGB15233	0,219%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB51661	GGB51661_SGB72064	0,216%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Lawsonibacter	Lawsonibacter_asaccharolyticus	0,215%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Faecalicatena	Faecalicatena_fissicatena	0,214%
Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	Phascolarctobacterium_succinatutens	0,211%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Butyrivibrio	Butyrivibrio_crossotus	0,200%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_unclassified	GGB9760	GGB9760_SGB15374	0,196%
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Duodenibacillus	Duodenibacillus_massiliensis	0,195%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Roseburia	Roseburia_sp_AF02_12	0,194%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospiraceae_unclassified	Lachnospiraceae_bacterium_CLA_AA_H244	0,191%
Firmicutes	CFGB9120	OFGB9120	FGB9120	GGB4642	GGB4642_SGB6422	0,190%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_salysiae	0,189%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Simiaoa	Simiaoa_sunii	0,185%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9708	GGB9708_SGB15234	0,185%
Lentisphaerae	Lentisphaeria	Victivallales	Victivallaceae	GGB6512	GGB6512_SGB9197	0,182%
Firmicutes	CFGB9583	OFGB9583	FGB9583	GGB3490	GGB3490_SGB4664	0,181%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Muribaculaceae	GGB1497	GGB1497_SGB2076	0,177%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lacrimispora	Lacrimispora_amygdalina	0,175%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Faecalibacterium	Faecalibacterium_sp_CLA_AA_H233	0,173%
Firmicutes	CFGB8140	OFGB8140	FGB8140	GGB3755	GGB3755_SGB5106	0,172%
Firmicutes	CFGB1765	OFGB1765	FGB1765	GGB4585	GGB4585_SGB6340	0,170%
Firmicutes	CFGB79303	OFGB79303	FGB79303	GGB3725	GGB3725_SGB5055	0,169%
Elusimicrobia	Elusimicrobia	Elusimicrobiales	Elusimicrobiaceae	GGB12693	GGB12693_SGB19690	0,167%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Vescimonas	Vescimonas_coprocola	0,166%

Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.

PHYLUM	CLASSE	ORDRE	FAMILLE	GENRE	ESPÈCE	ABONDANCE
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia_SGB101324	0,161%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9634	GGB9634_SGB15093	0,159%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	Oscillibacter_valericigenes	0,151%
Firmicutes	CFGB1765	OFGB1765	FGB1765	GGB4571	GGB4571_SGB6317	0,151%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Dysosmobacter	Dysosmobacter_welbionis	0,150%
Firmicutes	CFGB73062	OFGB73062	FGB73062	GGB9059	GGB9059_SGB13976	0,149%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_SGB4750	0,139%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Agathobaculum	Agathobaculum_butyriciproducens	0,137%
Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Acidaminococcus	Acidaminococcus_intestini	0,135%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Phocaeicola	Phocaeicola_massiliensis	0,134%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9707	GGB9707_SGB15229	0,132%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_stercoris	0,130%
Firmicutes	CFGB2832	OFGB2832	FGB2832	GGB9054	GGB9054_SGB13959	0,128%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Muribaculaceae	GGB1550	GGB1550_SGB2135	0,128%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospiraceae_unclassified	Lachnospiraceae_bacterium_AM48_27BH	0,124%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridiaceae_unclassified	Clostridiaceae_bacterium	0,120%
Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Bilophila	Bilophila_wadsworthia	0,120%
Firmicutes	CFGB1474	OFGB1474	FGB1474	GGB3731	GGB3731_SGB5063	0,117%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	GGB3640	GGB3640_SGB4937	0,116%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	GGB3277	GGB3277_SGB4327	0,109%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Mediterraneibacter	Ruminococcus_lactaris	0,104%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	GGB1221	GGB1221_SGB1590	0,100%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_sp_AM49_4BH	0,098%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_SGB48024	0,096%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridiaceae_unclassified	Clostridiaceae_bacterium_Marselle_Q4145	0,092%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridiaceae_unclassified	Clostridiaceae_bacterium_AF18_31LB	0,089%
Firmicutes	CFGB2984	OFGB2984	FGB2984	GGB9347	GGB9347_SGB14313	0,088%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_shahii	0,086%
Fibrobacteres	CFGB48799	OFGB48799	FGB48799	GGB49836	GGB49836_SGB69821	0,082%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Wujia	Wujia_chippingensis	0,081%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridiaceae_unclassified	Clostridiaceae_bacterium_Marselle_Q4143	0,079%
Firmicutes	CFGB2834	OFGB2834	FGB2834	GGB9064	GGB9064_SGB13983	0,077%
Firmicutes	CFGB3038	OFGB3038	FGB3038	GGB9534	GGB9534_SGB14937	0,076%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Odoribacteraceae	Butyricimonas	Butyricimonas_faecihominis	0,075%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_intestinalis	0,073%
Firmicutes	CFGB1765	OFGB1765	FGB1765	GGB4543	GGB4543_SGB6264	0,073%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Odoribacteraceae	Butyricimonas	Butyricimonas_paravirosa	0,071%
Firmicutes	CFGB2830	OFGB2830	FGB2830	GGB9047	GGB9047_SGB13950	0,070%
Firmicutes	CFGB9272	OFGB9272	FGB9272	GGB9296	GGB9296_SGB14253	0,070%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospira	Lachnospira_SGB5083	0,067%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Anaerotignum	Anaerotignum_faecicola	0,065%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia_wexlerae	0,064%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_sp_AF27_2AA	0,063%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB13489	GGB13489_SGB15224	0,060%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospiraceae_unclassified	Lachnospiraceae_unclassified_SGB69346	0,060%
Tenericutes	CFGB1791	OFGB1791	FGB1791	GGB4757	GGB4757_SGB6588	0,059%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_sp_AM33_3	0,058%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_dispar	0,057%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9593	GGB9593_SGB15015	0,056%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	GGB3480	GGB3480_SGB20550	0,056%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_clarus	0,052%

Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.

PHYLUM	CLASSE	ORDRE	FAMILLE	GENRE	ESPÈCE	ABONDANCE
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	GGB3653	GGB3653_SGB4964	0,052%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Coprococcus	Coprococcus_comes	0,052%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruthenibacterium	Ruthenibacterium_lactatiformans	0,048%
Firmicutes	CFGB4605	OFGB4605	FGB4605	GGB13404	GGB13404_SGB14252	0,048%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_ihumii	0,048%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes_sp_AF17_16	0,047%
Firmicutes	CFGB10318	OFGB10318	FGB10318	GGB37878	GGB37878_SGB47372	0,046%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Jutongia	Jutongia_hominis	0,046%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Anaerostipes	Anaerostipes_hadrus	0,045%
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	Sutterella_SGB9281	0,042%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_unclassified	Eubacteriales_unclassified	Clostridiales_bacterium_KLE1615	0,041%
Actinobacteria	Actinomycetia	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	Bifidobacterium_pseudocatenulatum	0,041%
Firmicutes	CFGB1776	OFGB1776	FGB1776	GGB4671	GGB4671_SGB6460	0,040%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	GGB1689	GGB1689_SGB2321	0,038%
Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	Collinsella_aerofaciens	0,038%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Roseburia	Roseburia_sp_831b	0,037%
Firmicutes	CFGB1359	OFGB1359	FGB1359	GGB3321	GGB3321_SGB4395	0,036%
Candidatus_Melainabacteria	Candidatus_Melainabacteria_unclassified	Candidatus_Gastranaerophilales	Candidatus_Gastranaerophilales_unclassified	Candidatus_Gastranaerophilales_unclassified	Candidatus_Gastranaerophilales_bacterium	0,036%
Firmicutes	CFGB3054	OFGB3054	FGB3054	GGB9686	GGB9686_SGB15190	0,035%
Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	Streptococcus_salivarius	0,035%
Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Turicibacteraceae	Turicibacter	Turicibacter_sanguinis	0,035%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9730	GGB9730_SGB15291	0,034%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9715	GGB9715_SGB15260	0,034%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_finegoldii	0,033%
Firmicutes	CFGB3023	OFGB3023	FGB3023	GGB9501	GGB9501_SGB14898	0,033%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Lachnospiraceae_unclassified	Lachnospiraceae_bacterium	0,033%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium	Eubacterium_ventriosum	0,031%
Firmicutes	CFGB2829	OFGB2829	FGB2829	GGB9045	GGB9045_SGB13947	0,030%
Firmicutes	CFGB1325	OFGB1325	FGB1325	GGB3175	GGB3175_SGB4191	0,030%
Firmicutes	CFGB9119	OFGB9119	FGB9119	GGB4726	GGB4726_SGB6546	0,030%
Firmicutes	CFGB3069	OFGB3069	FGB3069	GGB9767	GGB9767_SGB15385	0,029%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Roseburia	Roseburia_intestinalis	0,029%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9616	GGB9616_SGB15052	0,028%
Firmicutes	CFGB1765	OFGB1765	FGB1765	GGB4552	GGB4552_SGB6276	0,028%
Candidatus_Melainabacteria	CFGB2107	OFGB2107	FGB2107	GGB6006	GGB6006_SGB8630	0,028%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Barnesiellaceae	Coprobacter	Coprobacter_secundus	0,027%
Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Dialister	Dialister_invisus	0,026%
Candidatus_Melainabacteria	CFGB10197	OFGB10197	FGB10197	GGB5975	GGB5975_SGB8592	0,025%
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	Sutterella_wadsworthensis	0,023%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Lawsonibacter	Lawsonibacter_SGB15145	0,023%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Hydrogenoanaerobacterium	Hydrogenoanaerobacterium_saccharovorans	0,022%
Verrucomicrobia	Opitutae	Puniceococcales	Puniceococcaceae	GGB6123	GGB6123_SGB8767	0,022%
Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	GGB9819	GGB9819_SGB15460	0,020%
Proteobacteria	CFGB2404	OFGB2404	FGB2404	GGB6613	GGB6613_SGB9347	0,019%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Mediterraneibacter	Ruminococcus_torques	0,019%
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Parasutterella	Parasutterella_SGB9260	0,019%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Mediterraneibacter	Mediterraneibacter_faecis	0,019%
Firmicutes	CFGB2997	OFGB2997	FGB2997	GGB9445	GGB9445_SGB14835	0,018%
Firmicutes	CFGB72	OFGB72	FGB72	GGB105	GGB105_SGB124	0,017%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	GGB9636	GGB9636_SGB15108	0,017%

Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.

PHYLUM	CLASSE	ORDRE	FAMILLE	GENRE	ESPÈCE	ABONDANCE
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_unclassified	GGB9760	GGB9760_SGB15373	0,016%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Ruminococcus	Ruminococcus_callidus	0,016%
Firmicutes	CFGB73223	OFGB73223	FG73223	GGB9249	GGB9249_SGB14193	0,016%
Firmicutes	CFGB2833	OFGB2833	FG2833	GGB74665	GGB74665_SGB13972	0,016%
Firmicutes	CFGB1765	OFGB1765	FG1765	GGB4604	GGB4604_SGB6371	0,014%
Firmicutes	CFGB72899	OFGB72899	FG72899	GGB4611	GGB4611_SGB6385	0,014%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium_SGB6177	0,013%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides_eggerthii	0,011%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Fusicatenibacter	Fusicatenibacter_sp_CLA_AA_H277	0,010%
Firmicutes	CFGB1765	OFGB1765	FG1765	GGB4599	GGB4599_SGB6362	0,010%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillospiraceae_unclassified	Oscillospiraceae_bacterium	0,010%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_unclassified	Intestinimonas	Intestinimonas_massiliensis	0,009%
Firmicutes	CFGB14936	OFGB14936	FG14936	GGB3256	GGB3256_SGB4303	0,009%
Actinobacteria	Actinomycetia	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	Bifidobacterium_longum	0,009%
Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Paraprevotella	Paraprevotella_clara	0,008%
Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Faecalibacillus	Faecalibacillus_intestinalis	0,008%
Firmicutes	CFGB78560	OFGB78560	FG78560	GGB9287	GGB9287_SGB14242	0,007%
Bacteroidota	CFGB72567	OFGB72567	FG72567	GGB1109	GGB1109_SGB1423	0,006%
Candidatus_Melainabacteria	CFGB2106	OFGB2106	FG2106	GGB5980	GGB5980_SGB8599	0,006%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_unclassified	Colidextribacter	Colidextribacter_sp_210702_DFI_3_9	0,006%
Proteobacteria	CFGB2404	OFGB2404	FG2404	GGB6608	GGB6608_SGB9342	0,006%
Bacteria_unclassified	Bacteria_unclassified	Bacteria_unclassified	Bacteria_unclassified	Bacteria_unclassified	bacterium_210917_DFI_7_65	0,005%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Eubacteriales_unclassified	Eubacteriales_unclassified	Clostridiales_bacterium	0,005%
Firmicutes	CFGB6280	OFGB6280	FG6280	GGB6600	GGB6600_SGB9331	0,003%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia_faecis	0,003%
Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Akkermansiaceae	Akkermansia	Akkermansia_muciniphila	0,002%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Dorea	Dorea_longicatena	0,002%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillospiraceae_unclassified	Oscillospiraceae_bacterium_CLA_AA_H250	0,002%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Oscillospiraceae	Oscillospiraceae_unclassified	Oscillospiraceae_unclassified_SGB4197	0,002%
Firmicutes	Clostridia	Eubacteriales	Lachnospiraceae	Anaerotignum	Anaerotignum_sp_MSJ_24	0,002%

Ce rapport d'analyse est fourni à titre informatif uniquement et n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter, guérir ou prévenir une quelconque maladie. Les résultats présentés sont basés sur des données relatives à la diversité et aux tendances du microbiome, et doivent être interprétés dans le cadre d'une évaluation globale de la santé par un professionnel qualifié. Les informations contenues dans ce rapport ne doivent pas être considérées comme des conseils médicaux ou des recommandations de traitement. Il est recommandé de consulter un médecin ou un professionnel de la santé avant de prendre des décisions basées sur ces résultats.