

MICK GUT REPORT

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

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

COME FUNZIONA?

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

I valori trovati vengono confrontati con migliaia di microbiomi di soggetti sani e in questo modo è possibile valutare se particolari generi batterici siano in eccesso o in difetto rispetto alla media del database di controllo in modo da identificare e caratterizzare situazioni di disbiosi.

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

MET05

Codice analisi:

T1699442658137

Nome paziente:

MET05

Data di nascita:

13/10/1984

Sesso:

FEMMINILE

Analisi richiesta:

MICK GUT

Tipologia campione:

Feci

Raccolta campione:

Non riportato

Ricevimento campione:

Non riportato

Data del report:

15/01/2024

INFORMAZIONI GENERALI

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

INDICI

 <p>DIVERSITÀ</p> <p>Nella media</p> <p>Paziente: 3.30 (Shannon Index) Popolazione: 2.43 ~ 3.73</p>	 <p>Il microbiota umano è composto da migliaia di specie batteriche. Questi microrganismi hanno un immenso potenziale metabolico, e i loro prodotti hanno un impatto sul nostro organismo. Un alto valore di diversità è indice di buona salute del microbiota. Questo valore fornisce informazioni circa la biodiversità dei batteri presenti nell'intestino al momento del campionamento.</p>
 <p>GRAM+ / GRAM-</p> <p>Nella media</p> <p>Paziente: -0.04 (Ratio) Popolazione: 0.01 ~ 6.40</p>	 <p>Gram-positivi e gram-negativi sono gruppi di batteri che si distinguono per la composizione e la struttura della parete cellulare e della membrana. Un rapporto Gram moderato (inferiore a 10) è associato a un microbioma intestinale sano, mentre un rapporto Gram elevato è stato associato a malattie specifiche come il diabete.</p>
 <p>AEROBI / ANAEROBI</p> <p>Nella media</p> <p>Paziente: -0.04 (Ratio) Popolazione: -0.30 ~ 0.59</p>	 <p>I batteri aerobi, a differenza degli anaerobi, dipendono dall'ossigeno per sopravvivere. Esistono due tipi di batteri anaerobi: gli anaerobi obbligati, che non possono crescere in presenza di ossigeno, e gli anaerobi facoltativi, che possono crescere sia in presenza che in assenza di ossigeno. Gli anaerobi obbligati si trovano principalmente nel nostro intestino, specialmente nel colon.</p>
 <p>INDICE DI SALUTE DEL MICROBIOMA INTESTINALE (GMHI)</p> <p>Alto</p> <p>Paziente: 1.21 (GMHI) Popolazione: -0.24 ~ 1.11</p>	 <p>L'indice di salute del microbioma intestinale (GMHI) misura il grado di squilibrio o di alterazione del microbiota normale. Il GMHI è stato progettato per valutare l'equilibrio tra due serie di specie microbiche associate a condizioni di salute buone e avverse. Un indice di disbiosi più elevato indica un maggior grado di squilibrio o disbiosi, che può essere associato a varie condizioni di salute.</p>



PROTEOBATTERI

Nella media

Paziente: **7.24 (CLR)**
 Popolazione: 6.69 ~ 9.12

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



SIMILARITÀ

Basso

Paziente: **66.99%**

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



ENTEROSIGNATURE

Bacteroides

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



BACILLOTA / BACTEROIDETES RATIO

1.14

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

NUTRIZIONE

**BATTERI CHE
DEGRADANO IL GLUTINE**

Basso

Paziente: **-2.40 (CLR), 0.00%**
 Popolazione: -2.36 ~ -1.53

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

**BATTERI CHE DI-
GERISCONO IL LATTOSIO**

Basso

Paziente: **7.70 (CLR), 0.57%**
 Popolazione: 11.49 ~ 15.32

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

**BATTERI PRODUTTORI DI
SCFA**

Nella media

Paziente: **3.42 (CLR), 0.01%**
 Popolazione: 2.46 ~ 13.12

Gli acidi grassi a catena corta (SCFA) sono un gruppo di molecole prodotte quando le fibre alimentari vengono digerite da parte di alcuni batteri intestinali. Fungono da nutrimento per gli enterociti, vengono assorbiti dalla parete intestinale e di solito hanno effetti benefici sulla nostra salute.

**BATTERI PRODUTTORI DI
METANO**

Basso

Paziente: **-2.40 (CLR), 0.00%**
 Popolazione: -1.94 ~ -0.82

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

**BATTERI PRODUTTORI DI
ISTAMINA**

Nella media

Paziente: **7.10 (CLR), 0.39%**
 Popolazione: 3.27 ~ 14.60

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



OMEOSTASI DELL'OS-SALATO

Nella media

Paziente: **7.65 (CLR), 0.68%**
 Popolazione: 6.46 ~ 9.41

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



BATTERI PRODUTTORI DI EQUOLO

Alto

Paziente: **-0.45 (CLR), 0.00%**
 Popolazione: -2.20 ~ -0.67

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



BATTERI PRODUTTORI DI INDOLO

Basso

Paziente: **8.41 (CLR), 1.44%**
 Popolazione: 10.76 ~ 15.62

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

STATO DI SALUTE



PERMEABILITY

Nella media

Paziente: **9.66 (CLR), 4.99%**
 Popolazione: 9.18 ~ 16.41

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

PRODUTTORI LPS

Nella media

Paziente: **7.41 (CLR), 0.43%**
 Popolazione: 4.52 ~ 9.94

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

BATTERI PRODUTTORI DI GABA

Nella media

Paziente: **7.10 (CLR), 0.39%**
 Popolazione: 6.45 ~ 15.26

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

BATTERI RIDUTTORI DI GLUTATIONE

Basso

Paziente: **7.55 (CLR), 0.62%**
 Popolazione: 8.72 ~ 11.90

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



OMEOSTASI IMMUNITARIA

Alto

Paziente: **0.60 (CLR), 60.36%**
 Popolazione: 0.07 ~ 0.18

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

TOSSICITÀ ALL'ALCOL

Basso

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

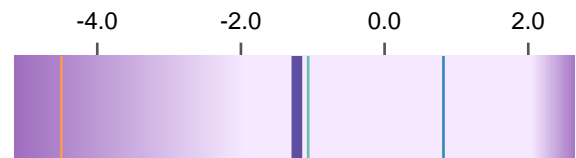
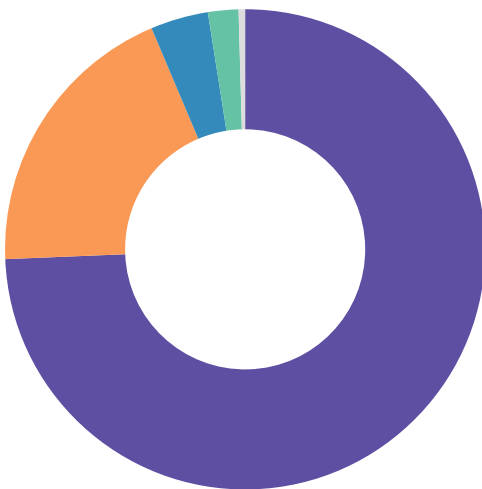
COMPOSIZIONE DEL MICROBIOMA

I grafici a torta illustrano la classificazione tassonomica del campione a livello di phyla e di 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. Nelle legende, inoltre, sono riportati gli intervalli di riferimento della popolazione sana e un simbolo che indica se ciascun valore rilevato è compreso o meno nel relativo intervallo.






I grafici di distribuzione Z-score descrivono la distanza di un valore dalla media della popolazione. Valori di Z-score compresi tra -2 e 2 si considerano sufficientemente vicini alla media, ciò ci permette di dire che l'abbondanza di un microrganismo è coerente con quello che vediamo nella popolazione di riferimento. Invece, valori di Z-score più bassi o più alti indicano che l'abbondanza identificata per un microrganismo è più bassa o più alta del previsto rispetto alla popolazione di riferimento.

BATTERI

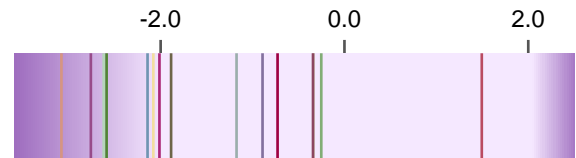
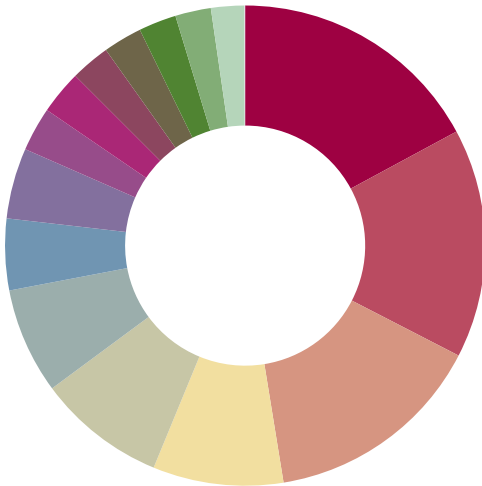
PHYLA



















Distribuzione di Z-score

PHYLUM	VALORE RILEVATO (%)	VALORE RILEVATO (CLR)	VALORI DI RIFERIMENTO (CLR)	Z-SCORE	
 Bacteroidota	74.4	10.84	10.04 ~ 14.25	-1.22	≡
 Bacillota	19.3	9.49	11.44 ~ 14.44	-4.50	▼
 Verrucomicrobia	3.89	7.89	4.95 ~ 9.09	0.82	≡
 Proteobacteria	2.05	7.24	6.69 ~ 9.12	-1.06	≡
 Other merged taxa	0.44		-		

SPECIE



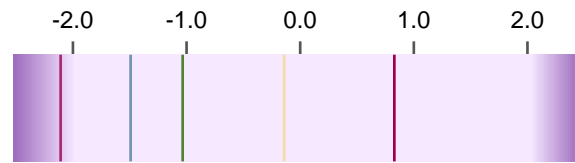
Distribuzione di Z-score

	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE RILEVATO (CLR)	VALORI DI RIFERIMENTO (CLR)	Z-SCORE	
	Bacteroides uniformis	13.5	10.63	8.42 ~ 15.45	-0.73	≡
	Bacteroides stercoris	12.2	10.53	5.48 ~ 11.21	1.49	≡
	unkn. Bacteroides(g)	11.7	10.49	11.50 ~ 15.04	-3.08	▼
	unkn. Bacteroidales(o)	6.92	9.97	10.08 ~ 13.95	-2.08	▼
	Alistipes finegoldii	6.81	9.95	7.04 ~ 14.08	-0.34	≡
	[Eubacterium] rectale	5.62	9.76	8.43 ~ 15.04	-1.17	≡
	Phocaeicola vulgatus	3.79	9.36	9.62 ~ 15.22	-2.14	▼
	Akkermansia muciniphila	3.75	9.35	7.50 ~ 14.31	-0.89	≡
	Oscillospiraceae bacterium	2.34	8.88	9.95 ~ 15.19	-2.76	▼
	unkn. Oscillospiraceae(f)	2.32	8.87	8.95 ~ 14.87	-2.01	▼
	unkn. Alistipes(g)	2.10	8.77	5.34 ~ 13.66	-0.34	≡
	unkn. Lachnospiraceae(f)	2.06	8.76	8.64 ~ 14.56	-1.89	≡
	unkn. Bacteroidaceae(f)	2.00	8.72	9.29 ~ 12.86	-2.59	▼
	Parabacteroides merdae	1.89	8.67	5.23 ~ 13.12	-0.25	≡
	unkn. Phocaeicola(g)	1.75	8.59	9.31 ~ 13.57	-2.62	▼
	Other merged taxa	0.047		-		







EUCARIOTI

FUNGHI

SPECIE

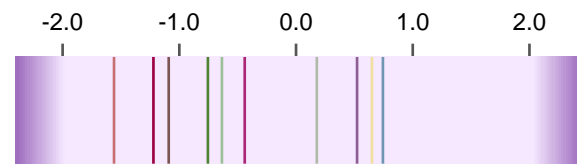


Distribuzione di Z-score












	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE RILEVATO (CLR)	VALORI DI RIFERIMENTO (CLR)	Z-SCORE	
	Saccharomyces cerevisiae	0.024	4.32	0.36 ~ 5.92	0.83	≡
	unkn. Saccharomyces(g)	0.019	4.08	1.02 ~ 7.62	-0.14	≡
	unkn. Saccharomycetales(o)	0.00035	0.16	-0.18 ~ 2.71	-1.49	≡
	unkn. Saccharomycetaceae(f)	0.00021	-0.32	-0.21 ~ 2.79	-2.11	▼
	unkn. Aspergillus(g)	0.00015	-0.61	-3.00 ~ 7.13	-1.03	≡
	Other merged taxa	100		-		

ALTRI EUKARIOTI

SPECIE

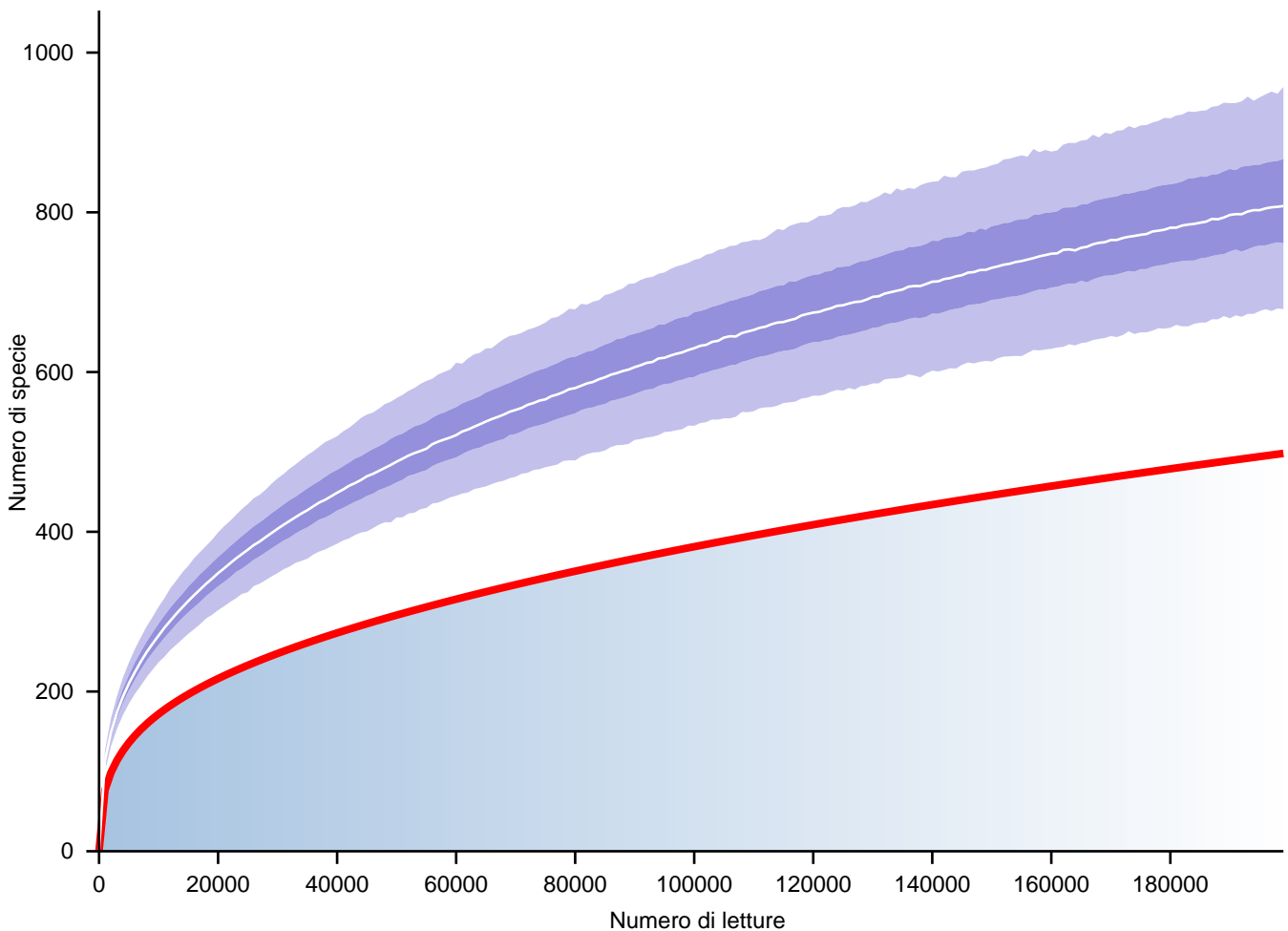


Distribuzione di Z-score

	SPECIE	VALORE RILEVATO (%)	VALORE RILEVATO (CLR)	VALORI DI RIFERIMENTO (CLR)	Z-SCORE	
	unkn. Eukaryota(d)	0.00080	0.93	0.29 ~ 3.71	-1.22	=
	Schistosoma guineensis	0.00024	-0.20	-0.61 ~ 3.37	-1.56	=
	unkn. Methanomassiliicoc- caceae(f)	0.000088	-1.01	-1.91 ~ -0.57	0.65	=
	unkn. Blastocystis(g)	0.000059	-1.30	-1.89 ~ -0.82	0.18	=
	Schistosoma bovis	0.000059	-1.30	-2.17 ~ -0.91	0.74	=
	unkn. Spirometra(g)	0.000059	-1.30	-2.06 ~ -0.87	0.52	=
	unkn. Methanoculleus(g)	0.000059	-1.30	-1.63 ~ -0.79	-0.44	=
	unkn. Schistosoma(g)	0.000029	-1.71	-1.96 ~ -0.83	-1.09	=
	Schistosoma curassoni	0.000029	-1.71	-2.07 ~ -0.90	-0.76	=
	Spirometra erinaceieu- ropaei	0.000029	-1.71	-2.13 ~ -0.88	-0.63	=
	Other merged taxa	100		-		

CURVA DI RAREFAZIONE

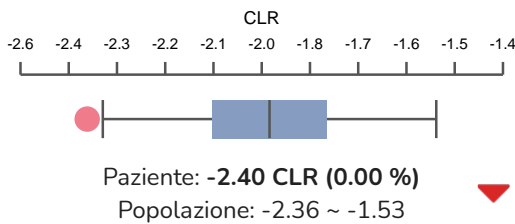
La curva di rarefazione è una rappresentazione grafica del livello di biodiversità presente nel campione analizzato. In questa curva di rarefazione è possibile vedere il numero di specie microbiche identificate (asse Y) in funzione del numero di letture di sequenziamento (asse X). Il campione analizzato (linea rossa) è comparato alla popolazione di riferimento sana. Le aree di color viola chiaro corrispondono al primo (2.5% - 25%) e quarto (75% - 97.5%) quartile, mentre le aree di color viola scuro corrispondono al secondo (25% - 50%) e terzo (50% - 75%) quartile, separate dalla mediana (linea bianca). L'altezza della curva di rarefazione (linea rossa) è direttamente proporzionale al numero di specie presenti nel campione analizzato.



NUTRIZIONE

ALIMENTAZIONE E DIETA

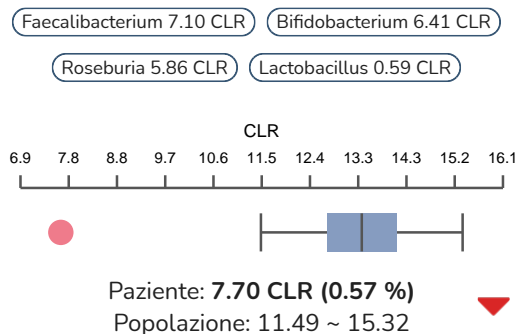
BATTERI CHE DEGRADANO IL GLUTINE



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

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

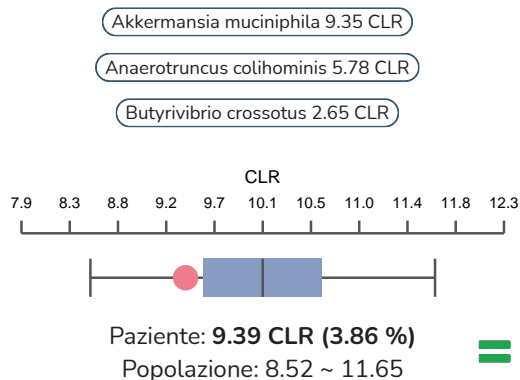
BATTERI CHE DIGERISCONO IL LATTOSIO



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

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

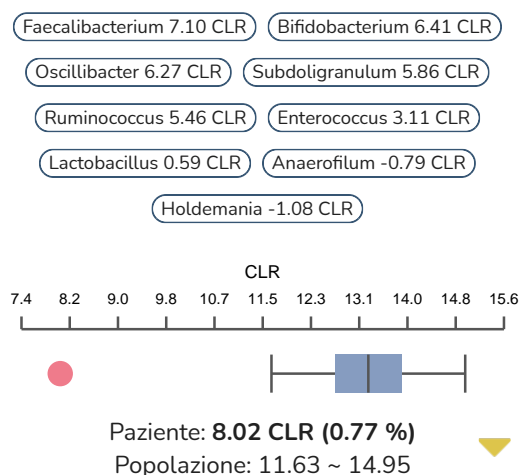
BATTERI ASSOCIATI AL MANTENIMENTO DEL PESO



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

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

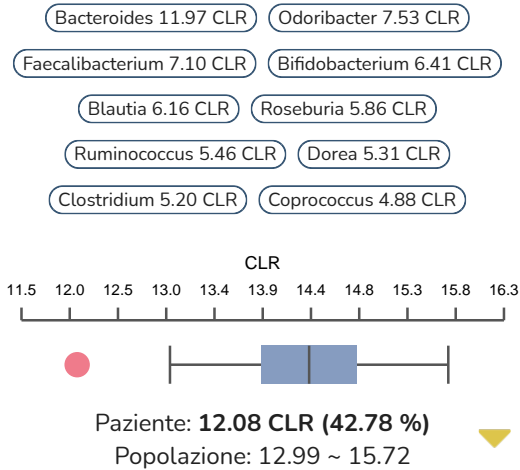
BATTERI RIDOTTI CON IL CONSUMO DI ALCOL



L'intestino è la più grande interfaccia tra l'ospite e l'ambiente nel nostro corpo. Nel mezzo troviamo la barriera intestinale che è essenziale per mantenere uno stato di salute. L'alcol aumenta la permeabilità della barriera intestinale che, a sua volta, promuove cambiamenti nel microbiota sano. In questo contesto, alcuni batteri sono ridotti nei bevitori frequenti di alcol, mentre altri batteri sono aumentati, portando alla disbiosi.

RIFERIMENTI: DOI:10.3390/IJMS20184568, PMID:28988571

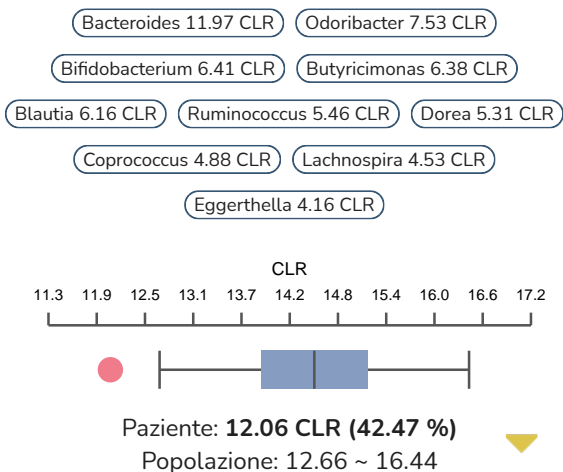
BATTERI CHE METABOLIZZANO I CARBOIDRATI



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

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

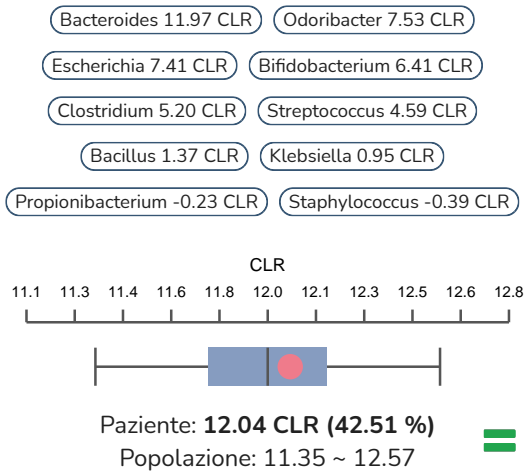
BATTERI CHE METABOLIZZANO I LIPIDI



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

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

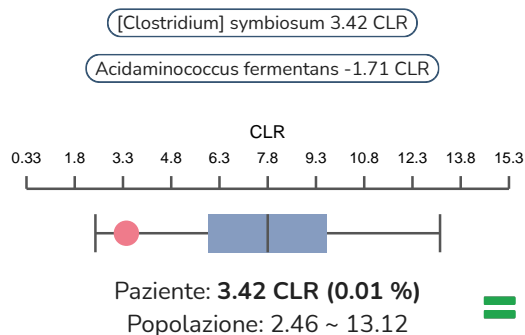
BATTERI CHE METABOLIZZANO GLI AMMINOACIDI



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

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

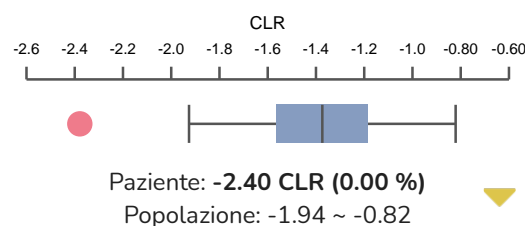
PRODUTTORI DI BUTIRRATO



I produttori di butirrato sono batteri rigorosamente anaerobi che sono in grado di fermentare carboidrati non digeribili. Il Butirrato e' coinvolto nell'espressione genica, nel prevenire l'infiammazione, nella differenziazione cellulare e nell'apoptosi. Il butirrato è essenziale per i colonociti poiché è la loro principale fonte di energia. Il metabolismo del butirrato da parte dei colonociti consuma grandi quantità di ossigeno, portando a uno stato di ipossia che mantiene l'equilibrio di ossigeno nell'intestino e previene la disbiosi del microbiota intestinale guidata dall'espansione dei batteri anaerobi facoltativi. Il butirrato ha anche un'attività antiproliferativa sulle cellule tumorali del colon in cui induce l'apoptosi. Inoltre, il butirrato regola i livelli di glucosio attivando la gluconeogenesi intestinale. C'è una crescente evidenza che una bassa abbondanza di produttori di butirrato correli con la presenza di obesità e con la condizione prediabetica.

RIFERIMENTI: DOI:10.1111/J.1574-6968.2009.01514.X, DOI:10.1038/SMEJ.2011.109, DOI:10.1136/BJK2179, DOI:10.3390/NU10101499, DOI:10.1007/S11892-013-0409-5, DOI:10.1111/J.1365-2036.2007.03562.X, DOI:10.1093/ADVANCES/NMX009

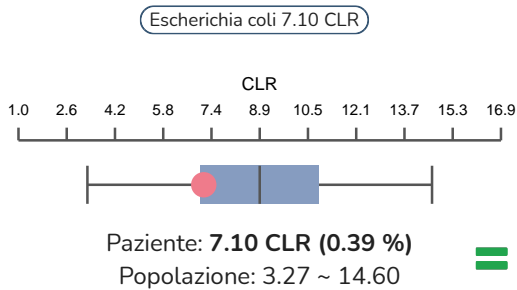
BATTERI PRODUTTORI DI METANO



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

RIFERIMENTI: 10.1016/J.JFF.2022.105367

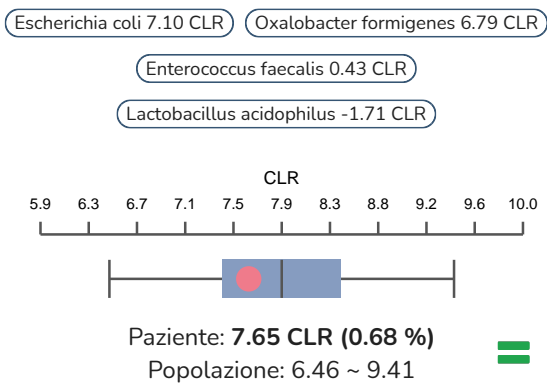
BATTERI PRODUTTORI DI ISTAMINA



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

RIFERIMENTI: 10.1126/SCITRANSLMED.ABJ1895, 10.3389/FNUT.2022.1018463, 10.1186/S12864-021-08004-3

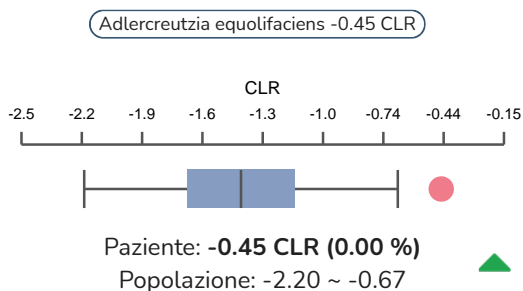
OMEOSTASI DELL'OSSALATO



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

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

BATTERI PRODUTTORI DI EQUOLO



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

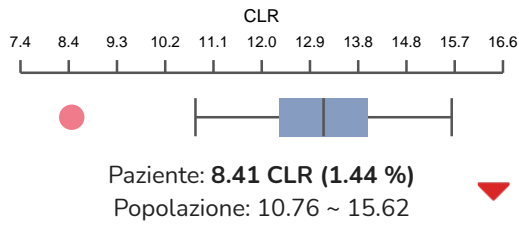
RIFERIMENTI: 10.3390/NU11092231

BATTERI PRODUTTORI DI INDOLO

- Bacteroides ovatus 7.59 CLR
- Escherichia coli 7.10 CLR
- Bacteroides fragilis 6.53 CLR
- Bacteroides thetaiotaomicron 6.31 CLR
- Clostridium sporogenes -1.01 CLR

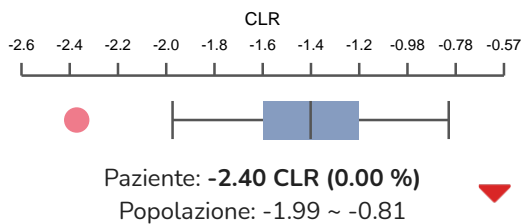
I produttori di indolo sono un gruppo di batteri del microbioma intestinale in grado di produrre indolo attraverso il metabolismo del triptofano. Alcuni studi hanno dimostrato che l'indolo prodotto dai batteri intestinali può avere effetti benefici sull'ospite, come promuovere la funzione di barriera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

RIFERIMENTI: 10.1016/j.chom.2018.05.003



VITAMINE

BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA K



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

RIFERIMENTI: DOI:10.1081/E-EDS-120022055, DOI:10.1038/JIP.2016.30, DOI:10.1111/TH.13217

BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B9

Parabacteroides merdae 8.67 CLR

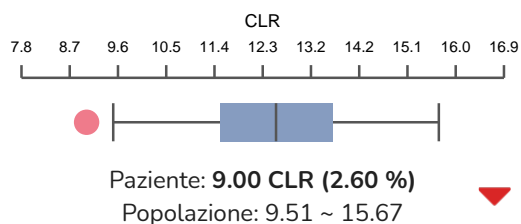
Parabacteroides distasonis 7.51 CLR

Bacteroides intestinalis 5.10 CLR

Bacteroides cellulosilyticus 5.01 CLR

Parabacteroides johnsonii 3.65 CLR

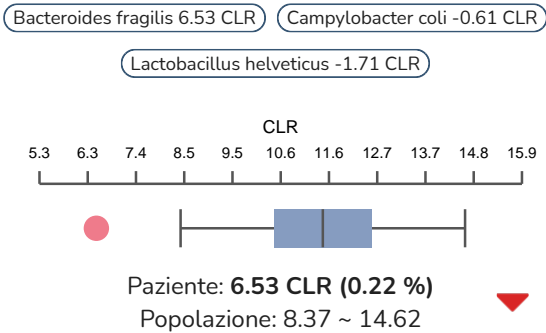
Anaerostipes caccae 0.54 CLR



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

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

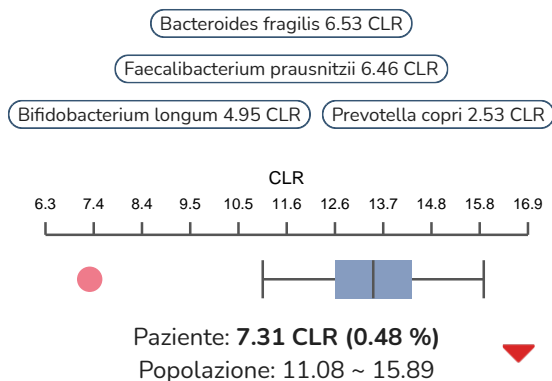
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA H



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

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

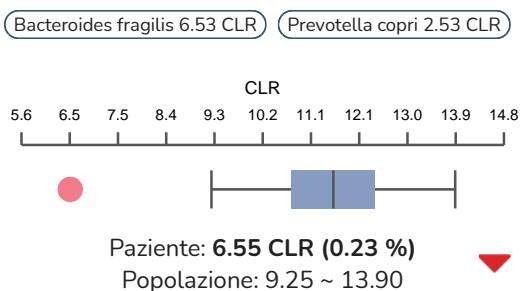
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B12



La vitamina B12 è presente principalmente negli alimenti di origine animale come carne, pesce o latte. È sintetizzata solo da alcuni batteri e archei. Questa vitamina è una molecola idrosolubile con ruoli essenziali per la funzionalità del cervello e del sistema nervoso, per la formazione delle cellule del sangue, nel metabolismo delle proteine, nella sintesi e nella regolazione del DNA. La carenza di vitamina B12 può causare sintomi come anemia, perdita di peso o alterazioni neurologiche come il morbo di Alzheimer, depressione o diminuzione delle capacità intellettive. La forma artificiale di vitamina B12 usata in alcuni integratori alimentari è chiamata cianocobalamina.

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

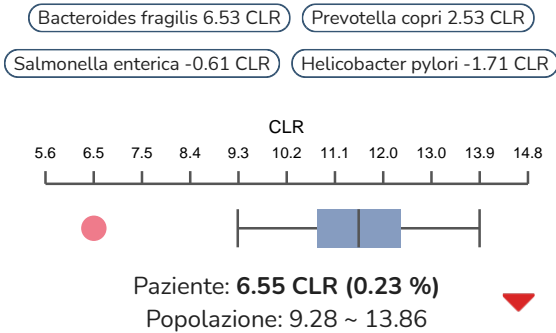
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B2



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

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

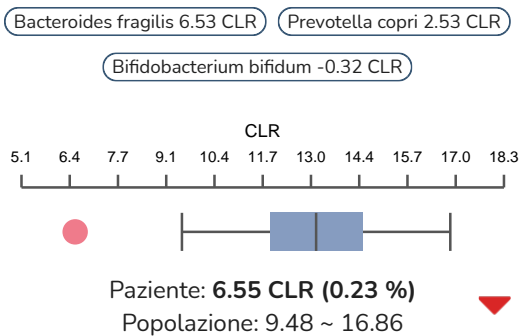
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B5



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

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

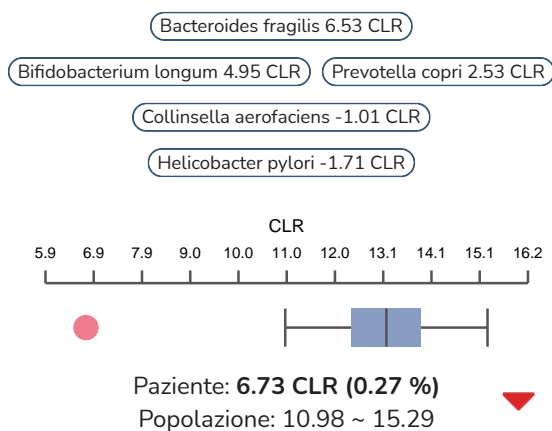
BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B1



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

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

BATTERI PRODUTTORI DI VITAMINA B6



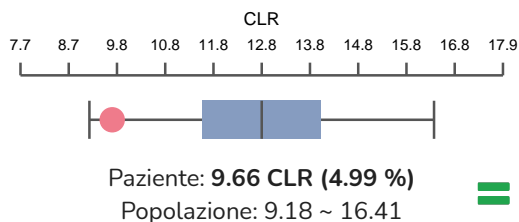
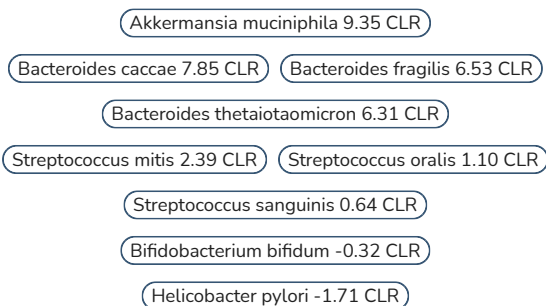
La vitamina B6 è una molecola idrosolubile che non può essere sintetizzata dall'organismo. Pertanto, deve essere assunta da fonti alimentari come il pesce (specialmente salmone e tonno), legumi o carne. Alcuni gruppi di batteri possono anche sintetizzarla nel nostro intestino. Un eccesso di vitamina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

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

STATO DI SALUTE

METABOLISMO

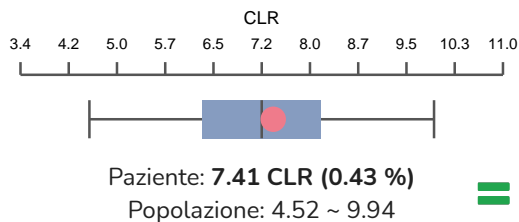
ATTIVITÀ MUCOLITICA



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

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

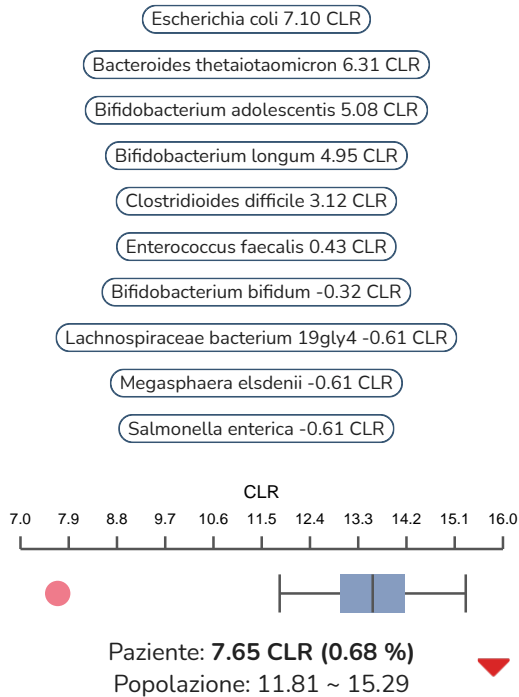
PRODUTTORI LPS



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

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

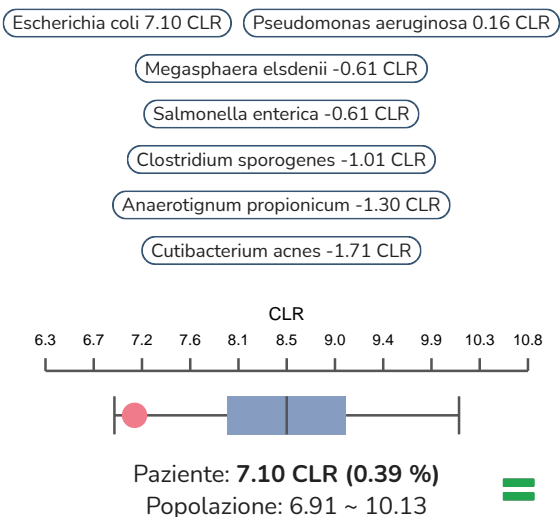
PRODUTTORI DI ACETATO



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

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

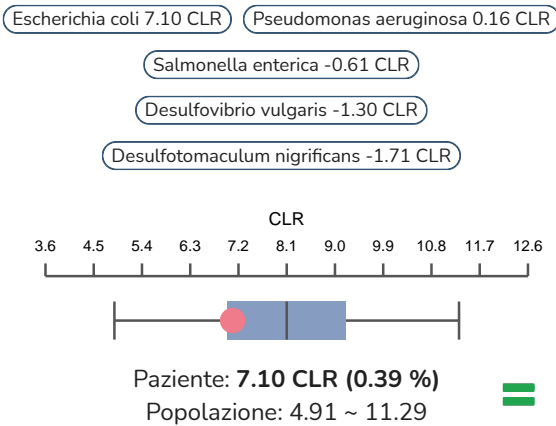
PRODUTTORI DI PROPIONATO



I produttori di propionato sono in grado di fermentare carboidrati non digeribili (elaborati per lo più attraverso le vie del succinato, del propandiole e dell'acrilato a seconda della struttura dello zucchero), oltre a peptidi e aminoacidi. Il propionato, assorbito a livello intestinale, viene veicolato direttamente al fegato dove inibisce la sintesi lipidica poiché riduce l'incorporazione dell'acetato ai trigliceridi diminuendo la loro concentrazione ematica. Inoltre, il propionato induce la gluconeogenesi intestinale e influenza il comportamento alimentare aumentando così la sazietà. Livelli eccessivi di propionato sono stati associati a un graduale aumento di peso e, a lungo termine, alla comparsa di insulino resistenza. Ci sono anche prove che suggeriscono che il propionato giochi un ruolo nel ridurre l'infiammazione e la proliferazione delle cellule tumorali del colon.

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

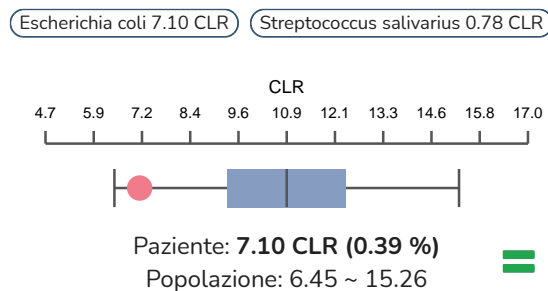
PRODUTTORI DI IDROGENO SOLFORATO (H₂S)



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

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

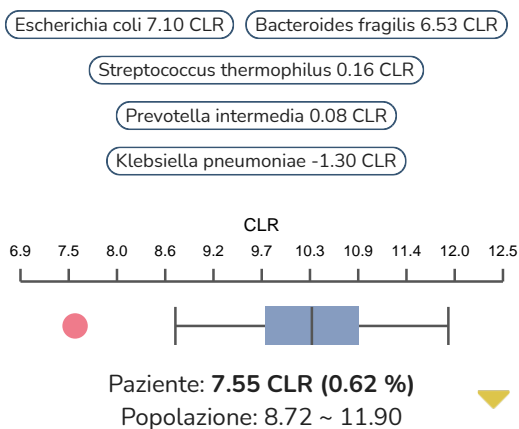
BATTERI PRODUTTORI DI GABA



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

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

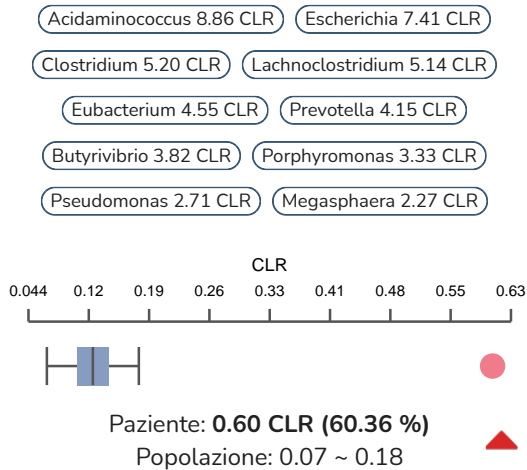
BATTERI RIDUTTORI DI GLUTATIONE



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

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

OMEOSTASI IMMUNITARIA

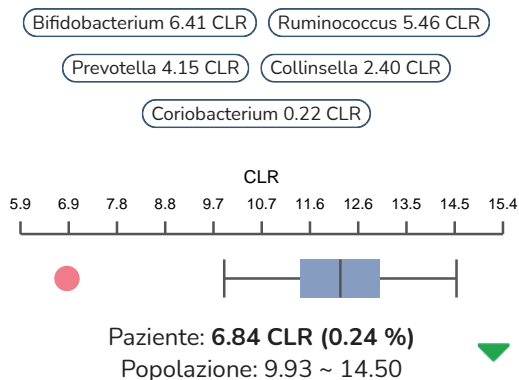


La composizione del microbioma intestinale può influenzare la risposta del sistema immunitario, influenzando così l'omeostasi immunitaria. Alcuni batteri producono acidi grassi a catena corta (SCFA), composti che hanno dimostrato di avere proprietà antinfiammatorie. Altri batteri gram-negativi sono invece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

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

METABOLISMO DELL'ALCOL

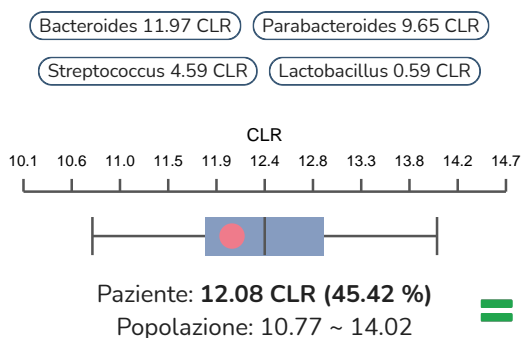
BATTERI PRODUTTORI DI ACETALDEIDE



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

RIFERIMENTI: DOI:10.1016/J.ORALONCOLOGY.2006.02.005, DOI:10.1038/NRMICRO3344, DOI:10.1080/13556219772840, DOI:10.1002/(SICI)1097-0215(20000415)86:2<169::AID-IJ4>3.0.CO;2-3

BATTERI CHE DEGRADANO L'ACETALDEIDE



PROBIOTICI

Akkermansia muciniphila 9.35 CLR

Bifidobacterium adolescentis 5.08 CLR

Bifidobacterium longum 4.95 CLR

Bifidobacterium pseudocatenulatum 4.47 CLR

Saccharomyces cerevisiae 4.32 CLR

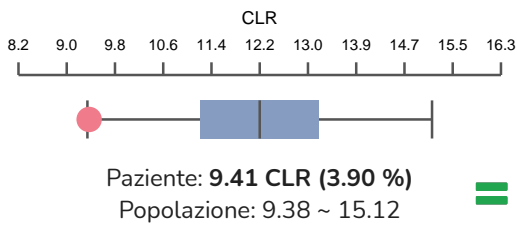
Bifidobacterium breve 1.03 CLR

Streptococcus thermophilus 0.16 CLR

Bifidobacterium bifidum -0.32 CLR

Lactobacillus helveticus -1.71 CLR

Lactobacillus acidophilus -1.71 CLR

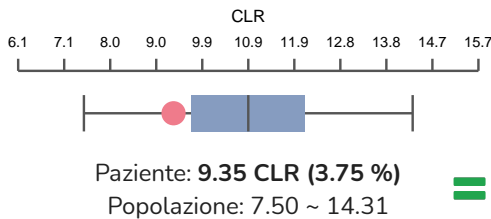


I probiotici sono batteri in grado di modulare il microbiota umano poichè riducono il pH luminale, secernono diversi tipi di composti benefici e proteggono dai patogeni. Competono con quest'ultimi per i nutrienti e ne impediscono l'adesione e l'invasione delle cellule epiteliali sottomucose. Si ipotizza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

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

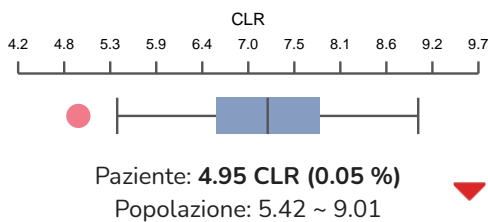
MICROBI BENEFICI

AKKERMANSIA MUCINIPHILA



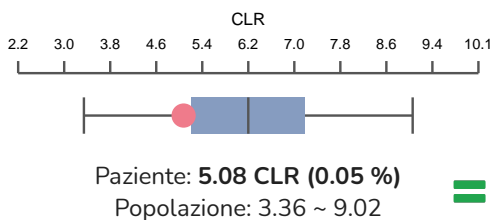
Akkermansia è un genere di batteri che contiene la specie Akkermansia muciniphila, batteri gram-negativi e anaerobici. Questo microorganismo è considerato un probiotico e la sua presenza è stata rilevata nel microbiota intestinale nella maggior parte degli adulti con abbondanze inferiori al 5%. È stato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

BIFIDOBACTERIUM LONGUM



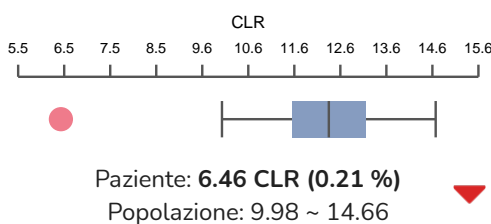
B. longum è un batterio benefico presente nell'intestino che favorisce un sistema immunitario sano, migliora la salute dell'intestino, riduce l'infiammazione, migliora l'assorbimento dei nutrienti e regola l'umore stimolando il sistema immunitario, mantenendo un sano equilibrio dei batteri intestinali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

BIFIDOBACTERIUM ADOLESCENTIS



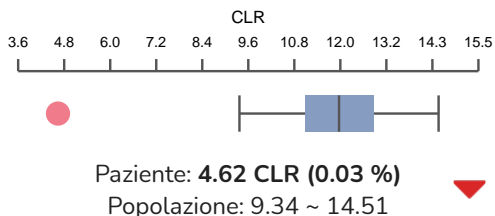
B. adolescentis è un batterio benefico presente nell'intestino che può aiutare a scomporre i carboidrati complessi, produrre vitamine essenziali e sostenere un sistema immunitario sano. Questi benefici si ottengono scomponendo i carboidrati complessi, producendo vitamine essenziali e stimolando il sistema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

FAECALIBACTERIUM PRAUSNITZII



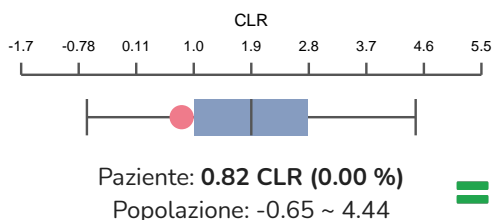
F. prausnitzii è un batterio benefico che si trova comunemente nel microbioma intestinale umano. È stato scoperto che ha proprietà antinfiammatorie, è uno dei principali produttori di butirrato e contribuisce a mantenere l'integrità della barriera intestinale.

ROSEBURIA INTESTINALIS



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

RUMINOCOCCUS BROMII



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

AZIONI

RIEPILOGO DELL'ANALISI

È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B1. La vitamina B1, anche conosciuta come tiamina, è un cofattore che trasforma i nutrienti in energia, ed è essenziale per lo sviluppo e il funzionamento delle cellule. La carenza di vitamina B1 ha effetti negativi sul peso, la memoria, i muscoli e il ritmo cardiaco, il che può causare una malattia chiamata 'beriberi'.

È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B2. La vitamina B2, anche conosciuta come riboflavina, svolge un ruolo importante nella produzione di energia, poiché è il precursore delle coenzimi FMN e FAD, essenziali per il metabolismo dei carboidrati, degli aminoacidi e dei lipidi. La sua carenza provoca sintomi come disturbi della pelle, edema, perdita di capelli o cataratta.

È stata osservata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B5. La vitamina B5, anche conosciuta come acido pantotenico, svolge un ruolo essenziale nella respirazione cellulare e nel metabolismo energetico. La carenza di questa vitamina provoca disfunzioni biochimiche nel metabolismo e la modificazione delle proteine per acetilazione, causando stanchezza, dolore o disturbi neuromotori.

È stata osservata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B6. La vitamina B6, anche conosciuta come piridossina, svolge un ruolo importante nella produzione di anticorpi e emoglobina, nel metabolismo degli aminoacidi e nella biosintesi dei neurotrasmettitori. Interviene anche nella glicogenolisi, regolando così la concentrazione di glucosio nel sangue. Sia l'eccesso che la carenza di questa vitamina hanno effetti negativi sulla salute.

È stata osservata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B9. Una carenza di acido folico, causata principalmente dal processo di fermentazione di diverse batterie probiotiche, potrebbe causare l'anemia.

È stata osservata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina B12. Questa vitamina è una molecola idrosolubile che svolge un ruolo essenziale nella funzione del sistema nervoso, nella formazione delle cellule del sangue e nel metabolismo delle proteine e del DNA. La carenza di vitamina B12 può causare sintomi come anemia, perdita di peso o disturbi neurologici.

È stata osservata una bassa abbondanza di batteri produttori di vitamina H. La vitamina H, anche conosciuta come biotina o vitamina B7 o B8, svolge un ruolo importante come coenzima per la carbossilazione. Come altre vitamine del gruppo B, ha un ruolo importante nel metabolismo dei carboidrati, degli aminoacidi e dei lipidi. La mancanza di questa vitamina provoca disturbi della pelle e dei capelli.

È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri che producono vitamina K. La vitamina K aiuta il corpo a costruire ossa e tessuti sani, oltre a svolgere un ruolo importante nella coagulazione del sangue.

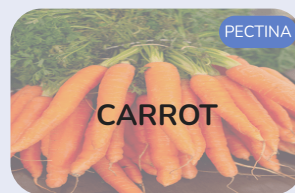
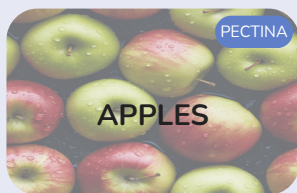
È stata riscontrata una bassa quantità di batteri che digeriscono il glutine. Poiché il glutine è una proteina difficile da digerire, una bassa abbondanza di questi batteri potrebbe aumentare il rischio di sviluppare malattie autoimmuni in persone geneticamente predisposte alla celiachia.

È stata riscontrata una bassa quantità di batteri che digeriscono il lattosio. Poiché l'intolleranza al lattosio si verifica quando l'intestino non produce abbastanza lattasi, aumentare i livelli di abbondanza di batteri che digeriscono il lattosio potrebbe aiutare nella digestione.

È stata riscontrata una bassa abbondanza di batteri produttori di acetato. L'acetato è un acido grasso a catena corta (SCFA) coinvolto nella regolazione del metabolismo dei glucidi e dei lipidi, contribuendo così all'omeostasi energetica di tutto il corpo. Bassi livelli di questi batteri possono aumentare i processi infiammatori e promuovere il consumo di cibo.

RACCOMANDAZIONI

Dal punto di vista dietetico, si raccomanda di aumentare l'assunzione di: kefir, yogurt, unpasteurized cheese, fermented soy products, meat, fish, milk, eggs, apples, citrus fruits, tropical fruits, carrot



Dal punto di vista dietetico, si raccomanda di diminuire l'assunzione di: gluten



Si consigliano anche i seguenti integratori: lactobacillus genus, vitamin B12 supplement, galactooligosaccharides (GOS)

LACTOBACILLUS
GENUS

VITAMIN B12 SUP-
PLEMET

GALACTOOLIGOSAC-
CHARIDES (GOS)

Legenda:

PECTINA

Alimento ricco di pectina. Ci sono evidenze che quando la pectina viene fermentata si producano grandi quantità di acetato.

Bibliografia:

- 10.3389/fcimb.2018.00314
- 10.3389/fmicb.2017.00846
- 10.1186/s12934-017-0631-y
- 10.1007/s00253-001-0902-7
- 10.5772/63117
- 10.5772/63712
- 10.1053/j.gastro.2016.06.041
- 10.3390/nu10121824
- 10.1016/j.resmic.2017.04.008
- 10.1073/pnas.160672211
- 10.3390/nu10101517
- 10.1111/1574-6941.12186
- 10.1080/17446651.2017.1318060
- 10.1080/19490976.2015.1134082
- 10.1007/s13668-018-0248-8

LIMITI DEL TEST

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

Firma

TAVOLA TASSONOMICA

DOMINIO	PHYLUM	SPECIE	PAZIENTE (%)	PAZIENTE (CLR)	POPOLAZIONE (CLR)	
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides uniformis	13.49	10.63	8.42 ~ 15.45	≡
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides stercoris	12.17	10.53	5.48 ~ 11.21	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Bacteroides(g)	11.71	10.49	11.50 ~ 15.04	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Bacteroidales(o)	6.92	9.97	10.08 ~ 13.95	▼
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes finegoldii	6.81	9.95	7.04 ~ 14.08	≡
Bacteria	Bacillota	[Eubacterium] rectale	5.62	9.76	8.43 ~ 15.04	≡
Bacteria	Bacteroidota	Phocaeicola vulgatus	3.79	9.36	9.62 ~ 15.22	▼
Bacteria	Verrucomicrobia	Akkermansia muciniphila	3.75	9.35	7.50 ~ 14.31	≡
Bacteria	Bacillota	Oscillospiraceae bacterium	2.34	8.88	9.95 ~ 15.19	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Oscillospiraceae(f)	2.32	8.87	8.95 ~ 14.87	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Alistipes(g)	2.10	8.77	5.34 ~ 13.66	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Lachnospiraceae(f)	2.06	8.76	8.64 ~ 14.56	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Bacteroidaceae(f)	2.00	8.72	9.29 ~ 12.86	▼
Bacteria	Bacteroidota	Parabacteroides merdae	1.89	8.67	5.23 ~ 13.12	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Phocaeicola(g)	1.75	8.59	9.31 ~ 13.57	▼
Bacteria	Bacillota	Acidaminococcus intestini	1.70	8.56	3.60 ~ 14.34	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Parabacteroides(g)	1.52	8.45	9.03 ~ 13.93	▼
Bacteria	Bacteroidota	Phocaeicola dorei	1.30	8.29	8.94 ~ 13.54	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Bacteroidota(p)	1.17	8.19	6.89 ~ 12.38	≡
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides caccae	0.83	7.85	6.49 ~ 9.42	≡
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes dispar	0.80	7.81	3.58 ~ 12.22	≡
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides eggerthii	0.70	7.67	4.34 ~ 12.12	≡
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides ovatus	0.65	7.59	7.67 ~ 12.19	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides faecis	0.63	7.57	6.72 ~ 11.25	≡
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes communis	0.63	7.56	3.74 ~ 12.58	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Enterobacteriaceae(f)	0.60	7.52	6.43 ~ 10.68	≡
Bacteria	Bacteroidota	Parabacteroides distasonis	0.59	7.51	-8.2 ~ 16.45	≡
Bacteria	Bacillota	Ruthenibacterium lactati-formans	0.55	7.42	2.36 ~ 16.12	≡

Bacteria	Proteobacteria	Sutterella wadsworthensis	0.53	7.40	6.52 ~ 13.11	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Eubacteriales(o)	0.47	7.29	11.96 ~ 14.08	▼
Bacteria	Proteobacteria	Escherichia coli	0.39	7.10	3.12 ~ 14.86	≡
Bacteria	Bacteroidota	Odoribacter splanchnicus	0.39	7.10	3.89 ~ 12.54	≡
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes ihumii	0.39	7.09	0.74 ~ 9.32	≡
Bacteria	Bacillota	Dysosmobacter welbionis	0.36	7.02	5.19 ~ 12.15	≡
Bacteria	Bacillota	Flavonifractor plautii	0.34	6.96	8.86 ~ 13.58	▼
Bacteria	Bacillota	Enterocloster bolteae	0.31	6.86	7.03 ~ 9.55	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides xylanisolvens	0.31	6.86	8.39 ~ 14.64	▼
Bacteria	Proteobacteria	Oxalobacter formigenes	0.29	6.79	-0.84 ~ 6.04	▲
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes senegalensis	0.26	6.68	6.51 ~ 11.96	≡
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides fragilis	0.22	6.53	8.30 ~ 14.63	▼
Bacteria	Bacillota	Faecalibacterium prausnitzii	0.21	6.46	9.98 ~ 14.66	▼
Bacteria	Bacillota	Lachnospiraceae bacterium	0.19	6.39	9.61 ~ 13.45	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides sp. A1C1	0.19	6.35	6.26 ~ 12.18	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Bacillota(p)	0.19	6.34	9.55 ~ 13.46	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides thetaiotaomicron	0.18	6.31	8.57 ~ 13.05	▼
Bacteria	Bacillota	Lawsonibacter asaccharolyticus	0.17	6.25	6.30 ~ 11.50	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides sp. CACC 737	0.16	6.19	3.64 ~ 11.37	≡
Bacteria	unkn. Bacteria(d)	unkn. Bacteria(d)	0.15	6.14	10.28 ~ 13.57	▼
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Akkermansia(g)	0.14	6.03	5.45 ~ 8.29	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Acidaminococcus(g)	0.13	5.98	3.99 ~ 6.93	≡
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes onderdonkii	0.12	5.88	3.63 ~ 8.24	≡
Bacteria	Bacillota	Oscillibacter sp. PEA192	0.11	5.85	6.58 ~ 12.68	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Faecalibacterium(g)	0.11	5.82	8.37 ~ 13.98	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Flavonifractor(g)	0.11	5.78	8.19 ~ 11.77	▼
Bacteria	Bacillota	[Ruminococcus] torques	0.11	5.78	-4.7 ~ 2.41	▲
Bacteria	Bacillota	Anaerotruncus colihominis	0.11	5.78	7.16 ~ 11.63	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Odoribacter(g)	0.092	5.64	3.15 ~ 10.66	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Butyricimonas(g)	0.091	5.64	4.86 ~ 8.19	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Megamonas(g)	0.087	5.59	3.32 ~ 6.33	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Enterocloster(g)	0.087	5.59	7.62 ~ 11.71	▼
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes shahii	0.086	5.58	0.44 ~ 12.14	≡

Bacteria	Bacillota	unkn. Mediterraneibacter(g)	0.068	5.34	8.06 ~ 11.94	▼
Bacteria	Bacillota	Simiaoa sunii	0.068	5.34	7.88 ~ 13.08	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Blautia(g)	0.066	5.31	10.01 ~ 13.29	▼
Bacteria	Bacillota	Clostridiaceae bacterium	0.063	5.27	7.89 ~ 11.64	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Lawsonibacter(g)	0.062	5.25	7.03 ~ 10.93	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Ruthenibacterium(g)	0.061	5.23	5.50 ~ 10.18	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides intestinalis	0.053	5.10	3.11 ~ 12.25	≡
Bacteria	Bacteroidota	Butyricimonas virosa	0.053	5.09	2.09 ~ 11.26	≡
Bacteria	Actinomycetota	Bifidobacterium adolescentis	0.052	5.08	3.36 ~ 9.02	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sutterella(g)	0.051	5.05	4.43 ~ 7.85	≡
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides cellulosilyticus	0.049	5.01	6.21 ~ 11.28	▼
Bacteria	Bacillota	Subdoligranulum variabile	0.048	5.00	7.36 ~ 9.26	▼
Bacteria	Actinomycetota	Bifidobacterium longum	0.046	4.95	5.42 ~ 9.01	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Oxalobacter(g)	0.045	4.94	1.49 ~ 7.75	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Subdoligranulum(g)	0.043	4.89	2.96 ~ 12.41	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Escherichia(g)	0.037	4.74	3.43 ~ 5.95	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Roseburia(g)	0.036	4.71	1.38 ~ 11.98	≡
Bacteria	Bacillota	Enterocloster clostridioformis	0.035	4.68	6.68 ~ 12.07	▼
Bacteria	Bacillota	Enterocloster asparagi-formis	0.035	4.68	6.49 ~ 11.56	▼
Bacteria	Bacillota	Roseburia intestinalis	0.033	4.62	9.34 ~ 14.51	▼
Bacteria	Bacillota	Lachnospiraceae bacterium GAM79	0.033	4.62	9.05 ~ 14.34	▼
Bacteria	Bacillota	Megamonas funiformis	0.033	4.61	-1.1 ~ 4.57	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Dysosmobacter(g)	0.033	4.61	7.50 ~ 10.68	▼
Bacteria	Bacillota	Faecalitalea cylindroides	0.032	4.60	1.71 ~ 14.27	≡
Bacteria	Actinomycetota	Bifidobacterium pseudocatenulatum	0.028	4.47	4.14 ~ 9.52	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Clostridiaceae(f)	0.028	4.46	2.44 ~ 8.52	≡
Bacteria	Bacteroidota	Paraprevotella xylaniphila	0.027	4.43	2.87 ~ 9.75	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Bifidobacterium(g)	0.026	4.38	6.86 ~ 11.06	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Clostridium(g)	0.026	4.37	6.79 ~ 12.49	▼
Bacteria	Bacteroidota	Coprobacter secundus	0.025	4.35	2.92 ~ 10.29	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Oscillibacter(g)	0.024	4.31	5.88 ~ 9.51	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Simiaoa(g)	0.023	4.26	7.23 ~ 11.40	▼

Bacteria	Bacteroidota	unkn. Barnesiella(g)	0.023	4.25	1.57 ~ 9.32	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Ruminococcus(g)	0.022	4.24	4.41 ~ 12.70	▼
Bacteria	Bacteroidota	Paraprevotella clara	0.022	4.24	3.69 ~ 7.24	≡
Bacteria	Bacillota	Anaerobutyricum hallii	0.022	4.22	7.77 ~ 13.14	▼
Bacteria	Bacillota	Ruminococcus sp. SR1/5	0.021	4.18	7.67 ~ 12.67	▼
Bacteria	Bacillota	Blautia wexlerae	0.021	4.16	0.87 ~ 10.60	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Lachnoclostridium(g)	0.020	4.14	7.09 ~ 13.01	▼
Bacteria	Bacillota	[Eubacterium] siraeum	0.019	4.08	7.75 ~ 11.88	▼
Bacteria	Bacillota	Dorea longicatena	0.019	4.08	6.61 ~ 13.40	▼
Bacteria	Bacillota	Blautia obeum	0.019	4.06	-1.4 ~ 9.34	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Dorea(g)	0.018	4.04	0.26 ~ 10.85	≡
Bacteria	Bacillota	Clostridium sp. M62/1	0.018	4.03	8.57 ~ 10.96	▼
Bacteria	Bacillota	Lachnospiraceae bacterium Choco86	0.017	3.98	5.10 ~ 11.71	▼
Bacteria	Bacillota	Lachnospira eligens	0.017	3.96	5.37 ~ 12.91	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Anaerotruncus(g)	0.017	3.95	-0.82 ~ 9.29	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Coprococcus(g)	0.017	3.94	-0.54 ~ 8.89	≡
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides helcogenes	0.016	3.89	1.96 ~ 8.38	≡
Bacteria	Bacillota	Wansuia hejianensis	0.016	3.89	5.24 ~ 10.66	▼
Bacteria	Bacillota	Roseburia hominis	0.016	3.88	1.10 ~ 7.74	≡
Bacteria	Bacillota	Dorea formicigenerans	0.015	3.84	6.23 ~ 12.03	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Streptococcus(g)	0.015	3.83	7.73 ~ 13.04	▼
Bacteria	Bacillota	Ruminococcus sp.	0.015	3.81	1.45 ~ 12.32	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Coprobacter(g)	0.014	3.79	0.55 ~ 7.24	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Lacrimispora(g)	0.014	3.78	6.88 ~ 10.79	▼
Bacteria	Bacillota	Megamonas hypermegale	0.014	3.74	0.46 ~ 13.20	≡
Bacteria	Bacillota	[Ruminococcus] gnavus	0.014	3.73	7.95 ~ 13.91	▼
Bacteria	Bacillota	Lacrimispora saccharolytica	0.013	3.67	-2.2 ~ 8.57	≡
Bacteria	Bacteroidota	Parabacteroides johnsonii	0.012	3.65	3.28 ~ 13.23	≡
Bacteria	Actinomycetota	Eggerthella lenta	0.012	3.63	4.99 ~ 11.05	▼
Bacteria	Bacillota	Wujia chipingensis	0.012	3.62	5.94 ~ 11.15	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Paraprevotella(g)	0.012	3.62	3.08 ~ 11.70	≡
Bacteria	Bacillota	Eubacterium ventriosum	0.011	3.57	7.13 ~ 11.27	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfovibrio(g)	0.011	3.52	4.64 ~ 11.33	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Prevotella(g)	0.011	3.51	6.30 ~ 13.40	▼

Bacteria	Bacillota	unkn. Anaerobutyricum(g)	0.011	3.49	6.88 ~ 11.85	▼
Bacteria	Bacteroidota	Barnesiella viscericola	0.010	3.46	1.60 ~ 9.32	≡
Bacteria	Bacillota	[Clostridium] symbiosum	0.0099	3.42	7.19 ~ 12.44	▼
Bacteria	Bacteroidota	Butyricimonas faecalis	0.0097	3.40	3.95 ~ 12.26	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Christensenella(g)	0.0097	3.40	5.62 ~ 11.82	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Eubacterium(g)	0.0090	3.33	7.35 ~ 10.26	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Christensenellaceae(f)	0.0088	3.30	-1.6 ~ 9.93	≡
Bacteria	Bacillota	Coprococcus comes	0.0087	3.29	7.04 ~ 12.93	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Anaerostipes(g)	0.0082	3.23	6.98 ~ 12.42	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Hungatella(g)	0.0080	3.20	6.77 ~ 11.90	▼
Bacteria	Bacillota	Lachnoclostridium phocaense	0.0079	3.19	5.51 ~ 11.24	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides sp. PHL 2737	0.0075	3.14	1.29 ~ 6.94	≡
Bacteria	Bacillota	Clostridioides difficile	0.0073	3.12	7.81 ~ 11.28	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Butyrivibrio(g)	0.0073	3.11	5.87 ~ 11.77	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Clostridioides(g)	0.0072	3.10	6.22 ~ 11.02	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Lachnospira(g)	0.0070	3.07	-0.063 ~ 10.49	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Faecalitalea(g)	0.0069	3.06	5.76 ~ 9.30	▼
Bacteria	Bacillota	Blautia massiliensis	0.0067	3.02	8.11 ~ 12.62	▼
Bacteria	Bacillota	Hungatella hathewayi	0.0065	3.01	6.02 ~ 12.40	▼
Bacteria	Bacillota	[Ruminococcus] lactaris	0.0063	2.97	-4.7 ~ 11.48	≡
Bacteria	Bacillota	Blautia sp. SC05B48	0.0063	2.97	6.90 ~ 13.51	▼
Bacteria	Bacillota	Roseburia sp. NSJ-69	0.0062	2.95	5.40 ~ 11.82	▼
Bacteria	Bacillota	Erysipelatoclostridium ramosum	0.0057	2.87	4.84 ~ 12.57	▼
Bacteria	Bacillota	Anaerostipes hadrus	0.0056	2.85	7.00 ~ 13.71	▼
Bacteria	Bacillota	Christensenellaceae bacterium	0.0056	2.85	4.84 ~ 10.53	▼
Bacteria	Bacillota	[Clostridium] innocuum	0.0054	2.81	6.88 ~ 12.94	▼
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes sp. MC_19	0.0052	2.78	1.64 ~ 7.37	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Enterobacterales(o)	0.0052	2.78	2.84 ~ 4.97	▼
Bacteria	Bacillota	Coprococcus catus	0.0051	2.76	6.90 ~ 11.69	▼
Bacteria	Bacteroidota	Porphyromonas somerae	0.0051	2.76	1.39 ~ 6.85	≡
Bacteria	Proteobacteria	Sutterella faecalis	0.0051	2.76	-0.39 ~ 4.80	≡
Bacteria	Actinomycetota	Bifidobacterium catenulatum	0.0050	2.75	3.45 ~ 9.18	▼

Bacteria	Bacillota	[Clostridium] scindens	0.0050	2.74	6.29 ~ 11.86	▼
Bacteria	Bacillota	Butyrivibrio crossotus	0.0046	2.65	-3.5 ~ 0.61	▲
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides salyersiae	0.0045	2.64	3.81 ~ 11.66	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Erysipelatoclostridium(g)	0.0045	2.63	6.55 ~ 11.00	▼
Bacteria	Bacteroidota	Parabacteroides faecis	0.0044	2.62	0.68 ~ 5.93	▬
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Eggerthella(g)	0.0043	2.60	5.20 ~ 10.00	▼
Bacteria	Bacteroidota	Phocaeicola coprophilus	0.0043	2.58	4.40 ~ 13.32	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Marvinbryantia(g)	0.0042	2.56	6.29 ~ 9.35	▼
Bacteria	Bacteroidota	Prevotella copri	0.0041	2.53	2.94 ~ 11.03	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Gammaproteobacteria(c)	0.0040	2.52	2.85 ~ 10.47	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides caecimuris	0.0040	2.51	4.42 ~ 10.99	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Streptomyces(g)	0.0039	2.50	3.39 ~ 6.34	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Wansuia(g)	0.0038	2.47	5.63 ~ 9.27	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Wujia(g)	0.0036	2.42	5.41 ~ 10.50	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus mitis	0.0035	2.39	2.43 ~ 8.17	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pseudomonas(g)	0.0035	2.38	4.09 ~ 9.33	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Gordonibacter(g)	0.0034	2.36	5.17 ~ 9.97	▼
Bacteria	Bacteroidota	Parabacteroides goldsteinii	0.0034	2.36	2.68 ~ 12.53	▼
Bacteria	Bacillota	Christensenella sp. Marseille-P3954	0.0034	2.35	-1.0 ~ 8.85	▬
Bacteria	Bacteroidota	Porphyromonadaceae bacterium	0.0033	2.34	-0.017 ~ 4.59	▬
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Porphyromonadaceae(f)	0.0033	2.32	1.69 ~ 7.95	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Enterococcus(g)	0.0033	2.32	5.73 ~ 10.82	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Paenibacillus(g)	0.0032	2.30	5.01 ~ 8.68	▼
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes putredinis	0.0031	2.25	1.47 ~ 7.91	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Erysipelotrichaceae(f)	0.0030	2.23	6.80 ~ 11.35	▼
Bacteria	Bacteroidota	Parabacteroides sp. CT06	0.0030	2.22	1.59 ~ 4.36	▬
Bacteria	Bacillota	Christensenella massiliensis	0.0030	2.22	4.72 ~ 10.29	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Dialister(g)	0.0030	2.22	3.36 ~ 7.05	▼
Bacteria	Bacteroidota	Duncaniella dubosii	0.0029	2.19	1.06 ~ 8.56	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Sellimonas(g)	0.0029	2.18	5.28 ~ 9.87	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Collinsella(g)	0.0028	2.15	4.61 ~ 12.32	▼
Bacteria	Bacillota	Christensenella minuta	0.0028	2.15	4.67 ~ 9.56	▼

Bacteria	Proteobacteria	unkn. Proteobacteria(p)	0.0028	2.15	3.95 ~ 10.77	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Corynebacterium(g)	0.0027	2.11	2.95 ~ 9.18	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Campylobacter(g)	0.0026	2.08	5.24 ~ 9.76	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Olsenella(g)	0.0025	2.04	3.53 ~ 10.17	▼
Bacteria	Bacillota	Blautia producta	0.0025	2.04	5.83 ~ 10.72	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Selenomonas(g)	0.0024	2.01	3.81 ~ 10.92	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Duncaniella(g)	0.0023	1.97	2.48 ~ 9.76	▼
Bacteria	Bacillota	Coprococcus sp. ART55/1	0.0022	1.93	6.56 ~ 10.19	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Porphyromonas(g)	0.0022	1.92	-0.40 ~ 12.70	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Megasphaera(g)	0.0022	1.92	4.59 ~ 8.30	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Caproiciproducens(g)	0.0021	1.89	4.19 ~ 8.85	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Ethanoligenens(g)	0.0021	1.88	3.31 ~ 9.00	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Caproicibacterium(g)	0.0021	1.88	5.11 ~ 7.82	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Muribaculum(g)	0.0020	1.85	2.50 ~ 11.21	▼
Bacteria	Proteobacteria	Desulfovibrio piger	0.0020	1.83	-2.1 ~ 13.15	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Veillonellaceae(f)	0.0019	1.77	-2.0 ~ 8.55	▬
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Tannerella(g)	0.0019	1.76	2.33 ~ 8.32	▼
Bacteria	Bacillota	Blautia hansenii	0.0019	1.76	5.19 ~ 11.77	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Hymenobacter(g)	0.0018	1.73	2.42 ~ 7.74	▼
Bacteria	Bacillota	Eubacterium callanderi	0.0017	1.66	3.41 ~ 10.46	▼
Bacteria	Actinomycetota	Gordonibacter urolithinfa- ciens	0.0016	1.62	-1.1 ~ 10.79	▬
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Parolsenella(g)	0.0016	1.62	3.51 ~ 9.77	▼
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Treponema(g)	0.0016	1.62	-1.4 ~ 9.73	▬
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Adlercreutzia(g)	0.0016	1.61	-0.21 ~ 10.15	▬
Bacteria	Bacteroidota	Phocaeicola salanitronis	0.0016	1.59	2.49 ~ 13.48	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Parafannyhessea(g)	0.0015	1.57	0.96 ~ 10.59	▬
Bacteria	Bacillota	Enterococcus faecium	0.0015	1.57	4.38 ~ 12.48	▼
Bacteria	Bacillota	Sellimonas intestinalis	0.0015	1.57	5.38 ~ 12.48	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Burkholderia(g)	0.0015	1.57	3.96 ~ 8.04	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Bradyrhizobium(g)	0.0015	1.57	2.94 ~ 7.09	▼
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes sp. dk3624	0.0015	1.55	-1.1 ~ 13.64	▬
Bacteria	Bacillota	Clostridium sp. SY8519	0.0015	1.55	3.55 ~ 9.23	▼
Bacteria	Bacillota	Parvimonas micra	0.0015	1.55	-1.2 ~ 8.55	▬
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Atopobiaceae(f)	0.0014	1.51	2.73 ~ 9.20	▼

Bacteria	Bacillota	Dialister massiliensis	0.0014	1.51	-0.65 ~ 5.54	≡
Bacteria	Proteobacteria	Bilophila wadsworthia	0.0014	1.51	1.06 ~ 6.43	≡
Bacteria	Bacillota	Coprococcus eutactus	0.0014	1.47	6.06 ~ 13.42	▼
Bacteria	Bacillota	Eubacterium maltosivorans	0.0014	1.47	3.82 ~ 8.94	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Sodaliphilus(g)	0.0014	1.45	3.16 ~ 9.80	▼
Bacteria	Bacillota	Longicatena caecimuris	0.0013	1.41	5.31 ~ 12.73	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Ligilactobacillus(g)	0.0013	1.38	3.42 ~ 10.58	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Longicatena(g)	0.0012	1.34	4.76 ~ 8.87	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Enterobacter(g)	0.0012	1.34	3.35 ~ 11.11	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Arabiibacter(g)	0.0012	1.31	3.29 ~ 8.54	▼
Bacteria	Bacillota	Ligilactobacillus ruminis	0.0011	1.29	3.02 ~ 9.36	▼
Bacteria	Bacillota	Longibaculum sp. KGMB06250	0.0011	1.29	5.98 ~ 10.53	▼
Bacteria	Bacillota	[Clostridium] hylemonae	0.0011	1.26	-5.6 ~ 8.42	≡
Bacteria	Synergistetes	unkn. Pyramidobacter(g)	0.0011	1.26	1.62 ~ 7.96	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pseudodesulfovibrio(g)	0.0011	1.26	2.43 ~ 7.05	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhizobium(g)	0.0011	1.24	2.64 ~ 7.15	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Aeromonas(g)	0.0011	1.21	3.22 ~ 7.49	▼
Bacteria	Proteobacteria	Campylobacter jejuni	0.0010	1.18	-0.20 ~ 8.46	≡
Bacteria	Bacteroidota	Sphingobacterium sp. PM2-P1-29	0.0010	1.15	-0.32 ~ 5.32	≡
Bacteria	Deinococcus-Thermus	unkn. Deinococcus(g)	0.0010	1.15	2.15 ~ 6.19	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Bacillus(g)	0.0010	1.15	3.80 ~ 9.45	▼
Bacteria	Synergistetes	unkn. Cloacibacillus(g)	0.0010	1.15	0.93 ~ 8.98	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Actinomycetes(c)	0.00097	1.13	0.96 ~ 9.78	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Bordetella(g)	0.00097	1.13	1.14 ~ 8.95	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus oralis	0.00094	1.10	-1.1 ~ 10.47	≡
Bacteria	Bacillota	Blautia argi	0.00094	1.10	4.21 ~ 11.99	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Serratia(g)	0.00094	1.10	2.40 ~ 8.99	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Slackia(g)	0.00091	1.06	1.86 ~ 6.95	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Granulicatella(g)	0.00091	1.06	2.92 ~ 7.91	▼
Bacteria	Actinomycetota	Bifidobacterium breve	0.00088	1.03	6.62 ~ 13.50	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Lactobacillales(o)	0.00088	1.03	5.43 ~ 10.97	▼
Bacteria	Bacillota	Turicibacter sp. H121	0.00088	1.03	2.32 ~ 10.35	▼

Bacteria	Bacillota	Erysipelotrichaceae bacterium GAM147	0.00088	1.03	4.15 ~ 9.53	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Pseudobutyryvibrio(g)	0.00088	1.03	-0.12 ~ 11.56	▬
Bacteria	Bacillota	Ruminococcus bovis	0.00088	1.03	2.43 ~ 7.74	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Stenotrophomonas(g)	0.00088	1.03	2.65 ~ 7.32	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Actinomyces(g)	0.00085	1.00	4.55 ~ 8.56	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Mycolicibacterium(g)	0.00085	1.00	1.57 ~ 5.08	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Emergencia(g)	0.00085	1.00	3.94 ~ 7.95	▼
Bacteria	Bacillota	Eubacterium hominis	0.00085	1.00	-2.2 ~ -0.75	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Cupriavidus(g)	0.00085	1.00	3.19 ~ 6.81	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Sphingobacterium(g)	0.00083	0.97	-1.4 ~ 6.04	▬
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Rhodothermaceae(f)	0.00080	0.93	1.08 ~ 5.85	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Riemeirella(g)	0.00080	0.93	0.87 ~ 4.21	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Thermobacillus(g)	0.00080	0.93	2.07 ~ 5.42	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Phascolarctobacterium(g)	0.00080	0.93	4.93 ~ 7.87	▼
Bacteria	Synergistetes	Cloacibacillus porcorum	0.00080	0.93	-2.5 ~ 9.33	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Achromobacter(g)	0.00080	0.93	0.73 ~ 11.30	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Paraburkholderia(g)	0.00080	0.93	2.54 ~ 7.23	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Comamonas(g)	0.00077	0.89	-0.81 ~ 10.73	▬
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Eggerthellaceae(f)	0.00074	0.86	4.33 ~ 9.46	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Schaalia(g)	0.00074	0.86	2.99 ~ 10.17	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Tumebacillus(g)	0.00074	0.86	-1.5 ~ 8.26	▬
Bacteria	Bacillota	Pseudoflavonifractor sp.	0.00074	0.86	2.18 ~ 6.82	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Monoglobus(g)	0.00074	0.86	2.86 ~ 9.97	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sphingobium(g)	0.00074	0.86	1.82 ~ 6.54	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Microbacterium(g)	0.00071	0.82	1.42 ~ 8.54	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Heliomicrobium(g)	0.00071	0.82	1.69 ~ 5.57	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Romboutsia(g)	0.00071	0.82	4.15 ~ 11.46	▼
Bacteria	Bacillota	Ruminococcus bromii	0.00071	0.82	-0.65 ~ 4.44	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfomicrobium(g)	0.00071	0.82	1.48 ~ 5.72	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Coriobacteriaceae(f)	0.00068	0.78	0.99 ~ 11.26	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Arthrobacter(g)	0.00068	0.78	0.86 ~ 8.26	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Bacteroidia(c)	0.00068	0.78	0.55 ~ 3.33	▬
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Petrimonas(g)	0.00068	0.78	-2.4 ~ 3.30	▬

Bacteria	Bacillota	Streptococcus salivarius	0.00068	0.78	3.77 ~ 11.64	▼
Bacteria	Bacillota	Clostridium cadaveris	0.00068	0.78	4.09 ~ 9.38	▼
Bacteria	Bacillota	Ruminococcus bicirculans	0.00068	0.78	4.59 ~ 11.80	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Agrobacterium(g)	0.00068	0.78	2.71 ~ 6.78	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Raoultibacter(g)	0.00065	0.73	1.48 ~ 7.67	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Longibaculum(g)	0.00065	0.73	3.87 ~ 8.22	▼
Bacteria	Synergistetes	unkn. Fretibacterium(g)	0.00065	0.73	2.17 ~ 6.27	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Azoarcus(g)	0.00065	0.73	-2.4 ~ 6.96	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Methylobacterium(g)	0.00065	0.73	1.58 ~ 5.35	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides sp.	0.00062	0.69	0.076 ~ 3.70	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Halomonas(g)	0.00062	0.69	-0.20 ~ 8.23	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Corallococcus(g)	0.00062	0.69	0.73 ~ 2.97	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Solidesulfovibrio(g)	0.00062	0.69	1.43 ~ 5.66	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus sanguinis	0.00059	0.64	-3.9 ~ 9.20	≡
Bacteria	Bacillota	Streptococcus pneumoniae	0.00059	0.64	1.48 ~ 6.38	▼
Bacteria	Bacillota	Marvinbryantia formatexi- gens	0.00059	0.64	4.69 ~ 10.33	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Neisseria(g)	0.00059	0.64	3.27 ~ 6.99	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Xanthomonas(g)	0.00059	0.64	0.75 ~ 8.35	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Berryella(g)	0.00056	0.59	2.74 ~ 6.93	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Mucinivorans(g)	0.00056	0.59	0.69 ~ 2.49	▼
Bacteria	Bacillota	Enterococcus cecorum	0.00056	0.59	0.88 ~ 4.48	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Leuconostoc(g)	0.00056	0.59	1.94 ~ 6.29	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Amedibacterium(g)	0.00056	0.59	-2.5 ~ -0.85	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Klebsiella(g)	0.00056	0.59	3.13 ~ 12.08	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Lysobacter(g)	0.00056	0.59	-0.56 ~ 7.00	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Geobacter(g)	0.00056	0.59	2.20 ~ 5.53	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Amycolatopsis(g)	0.00053	0.54	1.63 ~ 5.55	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Haliscomenobacter(g)	0.00053	0.54	0.52 ~ 3.90	≡
Bacteria	Chloroflexi	unkn. Candidatus Promine- ofilum(g)	0.00053	0.54	1.31 ~ 5.61	▼
Bacteria	Bacillota	Anaerostipes caccae	0.00053	0.54	-4.0 ~ 11.43	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Stutzerimonas(g)	0.00053	0.54	2.22 ~ 5.68	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Paracoccus(g)	0.00053	0.54	2.19 ~ 6.45	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Brevundimonas(g)	0.00053	0.54	-3.9 ~ 8.64	≡

Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sorangium(g)	0.00053	0.54	1.07 ~ 3.77	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Myxococcus(g)	0.00053	0.54	1.54 ~ 5.51	▼
Bacteria	Bacteroidota	Alistipes indistinctus	0.00050	0.49	2.31 ~ 8.67	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Turicimonas(g)	0.00050	0.49	0.95 ~ 7.05	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Croceicoccus(g)	0.00050	0.49	0.58 ~ 2.31	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Anaeromyxobacter(g)	0.00050	0.49	1.42 ~ 4.15	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Mycobacterium(g)	0.00047	0.43	-2.6 ~ 7.81	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Kocuria(g)	0.00047	0.43	1.61 ~ 6.25	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Draconibacterium(g)	0.00047	0.43	0.33 ~ 2.94	≡
Bacteria	Bacteroidota	Muribaculum gordoncarteri	0.00047	0.43	0.18 ~ 3.68	≡
Bacteria	Bacteroidota	Muribaculum intestinale	0.00047	0.43	0.97 ~ 8.30	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides sp. ZJ-18	0.00047	0.43	0.79 ~ 4.97	▼
Bacteria	Bacteroidota	Riemerella anatipestifer	0.00047	0.43	-0.24 ~ 2.23	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Capnocytophaga(g)	0.00047	0.43	1.92 ~ 7.60	▼
Bacteria	Bacillota	Enterococcus faecalis	0.00047	0.43	4.08 ~ 12.43	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Symbiobacterium(g)	0.00047	0.43	1.35 ~ 5.89	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Desulfitobacterium(g)	0.00047	0.43	2.52 ~ 6.27	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Negativicoccus(g)	0.00047	0.43	1.42 ~ 7.01	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Burkholderiales(o)	0.00047	0.43	-2.4 ~ 9.30	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Acinetobacter(g)	0.00047	0.43	1.30 ~ 9.95	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Brucella(g)	0.00047	0.43	1.78 ~ 5.90	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Azospirillum(g)	0.00047	0.43	0.36 ~ 6.30	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Actinomycetota(p)	0.00044	0.37	3.12 ~ 8.21	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Micromonospora(g)	0.00044	0.37	2.62 ~ 6.34	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Trueperella(g)	0.00044	0.37	2.08 ~ 5.60	▼
Bacteria	Bacteroidota	Prevotella fusca	0.00044	0.37	0.080 ~ 3.40	≡
Bacteria	Bacillota	Streptococcus gwangjuense	0.00044	0.37	0.71 ~ 5.51	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Coriobacteriia(c)	0.00041	0.31	1.84 ~ 8.65	▼
Bacteria	Actinomycetota	Gordonibacter pamelaeeae	0.00041	0.31	3.67 ~ 10.42	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Nocardia(g)	0.00041	0.31	2.94 ~ 6.15	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Rhodococcus(g)	0.00041	0.31	-1.7 ~ 9.19	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Limnochorda(g)	0.00041	0.31	1.38 ~ 5.63	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Brevibacillus(g)	0.00041	0.31	2.75 ~ 6.70	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Turicibacter(g)	0.00041	0.31	-1.9 ~ 9.92	≡

Bacteria	Bacillota	Amedibacterium intestinale	0.00041	0.31	-2.5 ~ -0.85	▲
Bacteria	Bacillota	Ruminococcus champanel- lensis	0.00041	0.31	-2.7 ~ 12.76	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Acutalibacter(g)	0.00041	0.31	0.89 ~ 8.99	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Chromobacterium(g)	0.00041	0.31	2.21 ~ 6.33	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Hyphomicrobium(g)	0.00041	0.31	0.78 ~ 3.68	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Syntrophobacter(g)	0.00041	0.31	0.51 ~ 2.50	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides sp. DJF_B097	0.00038	0.24	0.27 ~ 6.76	▼
Bacteria	Bacteroidota	Barnesiella intestinihominis	0.00038	0.24	0.91 ~ 5.90	▼
Bacteria	Bacillota	Clostridium sp. ID5	0.00038	0.24	-0.23 ~ 2.50	▬
Bacteria	Bacillota	Monoglobus pectinilyticus	0.00038	0.24	3.80 ~ 11.79	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Murdochiella(g)	0.00038	0.24	0.41 ~ 7.78	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Roseibium(g)	0.00038	0.24	1.10 ~ 4.54	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Oleidesulfovibrio(g)	0.00038	0.24	1.45 ~ 5.26	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Muribaculaceae(f)	0.00035	0.16	0.34 ~ 3.84	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Muricauda(g)	0.00035	0.16	0.93 ~ 4.85	▼
Bacteria	Deinococcus-Ther- mus	unkn. Thermus(g)	0.00035	0.16	1.13 ~ 3.73	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus thermophilus	0.00035	0.16	2.82 ~ 10.25	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus infantis	0.00035	0.16	1.34 ~ 6.70	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus australis	0.00035	0.16	2.46 ~ 8.08	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Catenibacterium(g)	0.00035	0.16	-2.5 ~ -0.88	▲
Bacteria	Bacillota	Dialister invisus	0.00035	0.16	-0.50 ~ 2.94	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Variovorax(g)	0.00035	0.16	0.18 ~ 8.71	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Castellaniella(g)	0.00035	0.16	1.16 ~ 5.19	▼
Bacteria	Proteobacteria	Pseudomonas aeruginosa	0.00035	0.16	-0.19 ~ 4.11	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sphingomonas(g)	0.00035	0.16	2.11 ~ 6.31	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Mesorhizobium(g)	0.00035	0.16	-2.7 ~ 8.93	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Stella(g)	0.00035	0.16	1.08 ~ 4.36	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Megalodesulfovib- rio(g)	0.00035	0.16	1.07 ~ 5.88	▼
Bacteria	Actinomycetota	Parafannyhessea umbonata	0.00032	0.084	-2.9 ~ 8.14	▬
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Acidipropionibacteri- um(g)	0.00032	0.084	0.82 ~ 4.20	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Proteiophilum(g)	0.00032	0.084	0.64 ~ 3.80	▼
Bacteria	Bacteroidota	Prevotella intermedia	0.00032	0.084	1.12 ~ 7.66	▼

Bacteria	Bacteroidota	Ornithobacterium rhinotracheale	0.00032	0.084	-0.054 ~ 6.81	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Chitinophaga(g)	0.00032	0.084	2.40 ~ 6.76	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Anaerocolumna(g)	0.00032	0.084	-1.6 ~ 8.23	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Anaerotignum(g)	0.00032	0.084	3.97 ~ 8.26	▼
Bacteria	Bacillota	Intestinibacter bartlettii	0.00032	0.084	3.64 ~ 11.19	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Pseudoflavonifactor(g)	0.00032	0.084	1.21 ~ 4.91	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Oxalobacteraceae(f)	0.00032	0.084	0.74 ~ 4.18	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Acidovorax(g)	0.00032	0.084	-1.0 ~ 9.18	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Cardiobacterium(g)	0.00032	0.084	1.01 ~ 4.92	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sphingopyxis(g)	0.00032	0.084	1.56 ~ 6.06	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Methylobacterium(g)	0.00032	0.084	1.96 ~ 5.91	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Labilithrix(g)	0.00032	0.084	0.65 ~ 2.98	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfarculus(g)	0.00032	0.084	-2.1 ~ -0.56	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Coriobacterium(g)	0.00029	-0.0030	-4.2 ~ 6.27	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Gordonia(g)	0.00029	-0.0030	1.07 ~ 2.89	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Nonomuraea(g)	0.00029	-0.0030	1.14 ~ 5.05	▼
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides nordii	0.00029	-0.0030	1.66 ~ 12.92	▼
Bacteria	Bacteroidota	Prevotella bivia	0.00029	-0.0030	-0.33 ~ 5.50	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Flavobacterium(g)	0.00029	-0.0030	-1.1 ~ 8.85	≡
Bacteria	Bacillota	Streptococcus suis	0.00029	-0.0030	3.52 ~ 8.36	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus parasuis	0.00029	-0.0030	1.44 ~ 5.97	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Alicyclobacillus(g)	0.00029	-0.0030	1.96 ~ 6.02	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Dehalobacterium(g)	0.00029	-0.0030	2.10 ~ 6.14	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Eubacteriales Family XIII. Incertae Sedis(f)	0.00029	-0.0030	4.10 ~ 7.69	▼
Bacteria	Bacillota	Eubacterium limosum	0.00029	-0.0030	0.99 ~ 10.24	▼
Bacteria	Bacillota	Romboutsia ilealis	0.00029	-0.0030	1.42 ~ 7.95	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Parvimonas(g)	0.00029	-0.0030	2.11 ~ 7.69	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Herbaspirillum(g)	0.00029	-0.0030	-0.73 ~ 8.45	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Salmonella(g)	0.00029	-0.0030	1.57 ~ 8.99	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sinorhizobium(g)	0.00029	-0.0030	1.65 ~ 6.20	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhodopseudomonas(g)	0.00029	-0.0030	1.25 ~ 4.06	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Alphaproteobacteria(c)	0.00029	-0.0030	1.34 ~ 4.49	▼

Bacteria	Proteobacteria	unkn. Citrif fermentans(g)	0.00029	-0.0030	-2.1 ~ -0.53	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfocurvibacter(g)	0.00029	-0.0030	1.48 ~ 5.48	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Denitrobacterium(g)	0.00027	-0.098	2.31 ~ 7.42	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Arachnia(g)	0.00027	-0.098	1.24 ~ 5.07	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Cellulomonas(g)	0.00027	-0.098	0.99 ~ 3.37	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Brachybacterium(g)	0.00027	-0.098	1.64 ~ 5.90	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Micrococcus(g)	0.00027	-0.098	-3.3 ~ 5.98	▬
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Rhodothermus(g)	0.00027	-0.098	-2.1 ~ -0.41	▲
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Robiginitalea(g)	0.00027	-0.098	0.56 ~ 5.18	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Spirosoma(g)	0.00027	-0.098	1.60 ~ 5.97	▼
Bacteria	Planctomycetota	unkn. Phycisphaera(g)	0.00027	-0.098	0.45 ~ 3.05	▼
Bacteria	Deinococcus-Thermus	unkn. Oceanithermus(g)	0.00027	-0.098	0.58 ~ 2.62	▼
Bacteria	Gemmatimonadetes	unkn. Gemmatimonas(g)	0.00027	-0.098	0.81 ~ 4.28	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Paenibacillaceae(f)	0.00027	-0.098	-2.4 ~ 6.40	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Faecalibaculum(g)	0.00027	-0.098	3.24 ~ 8.73	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Thermaerobacter(g)	0.00027	-0.098	1.43 ~ 5.62	▼
Bacteria	Bacillota	Lachnoclostridium sp. YL32	0.00027	-0.098	0.62 ~ 3.91	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Intestinibacter(g)	0.00027	-0.098	-2.5 ~ -0.71	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Peptoclostridium(g)	0.00027	-0.098	-2.2 ~ -0.66	▲
Bacteria	Bacillota	Oscillibacter valericigenes	0.00027	-0.098	1.65 ~ 6.12	▼
Bacteria	Bacillota	Acidaminococcus sp. BV3L6	0.00027	-0.098	0.18 ~ 6.31	▼
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Fusobacterium(g)	0.00027	-0.098	4.24 ~ 8.23	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Massilia(g)	0.00027	-0.098	-2.2 ~ 8.11	▬
Bacteria	Proteobacteria	Turicimonas muris	0.00027	-0.098	0.50 ~ 5.82	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Betaproteobacteria(c)	0.00027	-0.098	-2.4 ~ 7.51	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Chromatiaceae(f)	0.00027	-0.098	1.11 ~ 4.45	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Methylomonas(g)	0.00027	-0.098	1.30 ~ 4.79	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Azotobacter(g)	0.00027	-0.098	2.02 ~ 5.27	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Devosia(g)	0.00027	-0.098	0.90 ~ 3.53	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Roseomonas(g)	0.00027	-0.098	1.00 ~ 3.36	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhodobacter(g)	0.00027	-0.098	-1.7 ~ -0.58	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Syntrophotalea(g)	0.00027	-0.098	1.50 ~ 5.38	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfococcus(g)	0.00027	-0.098	0.62 ~ 3.07	▼
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Opitutaceae(f)	0.00024	-0.20	0.52 ~ 5.13	▼

Bacteria	Actinomycetota	unkn. Conexibacter(g)	0.00024	-0.20	0.68 ~ 4.38	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Lentzea(g)	0.00024	-0.20	0.25 ~ 3.34	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Actinoalloteichus(g)	0.00024	-0.20	0.92 ~ 4.51	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Friedmanniella(g)	0.00024	-0.20	0.39 ~ 3.80	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Tessaracoccus(g)	0.00024	-0.20	-2.1 ~ 8.02	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Cellulosimicrobium(g)	0.00024	-0.20	-3.0 ~ 5.33	≡
Bacteria	Bacteroidota	Sodaliphilus pleomorphus	0.00024	-0.20	0.58 ~ 4.67	▼
Bacteria	Bacteroidota	Prevotella jejuni	0.00024	-0.20	0.24 ~ 4.32	▼
Bacteria	Bacteroidota	Sphingobacterium spiritivo- rum	0.00024	-0.20	-0.71 ~ 4.50	≡
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Leadbettera(g)	0.00024	-0.20	1.02 ~ 4.56	▼
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Sphaerochaeta(g)	0.00024	-0.20	-4.0 ~ 5.01	≡
Bacteria	Bacillota	Streptococcus sp. oral taxon 431	0.00024	-0.20	0.61 ~ 3.13	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus parasanguinis	0.00024	-0.20	-1.8 ~ 11.81	≡
Bacteria	Bacillota	Streptococcus gordonii	0.00024	-0.20	-2.2 ~ 9.46	≡
Bacteria	Bacillota	Streptococcus pseudopneu- moniae	0.00024	-0.20	0.66 ~ 5.18	▼
Bacteria	Bacillota	Granulicatella adiacens	0.00024	-0.20	0.67 ~ 4.10	▼
Bacteria	Bacillota	Blautia pseudococcoides	0.00024	-0.20	3.32 ~ 9.69	▼
Bacteria	Bacillota	Anaerostipes rhamnosivo- rans	0.00024	-0.20	1.95 ~ 6.62	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Mogibacterium(g)	0.00024	-0.20	3.81 ~ 7.89	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Acetobacterium(g)	0.00024	-0.20	-3.2 ~ 6.80	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Mageeibacillus(g)	0.00024	-0.20	-2.2 ~ -0.71	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Anaerococcus(g)	0.00024	-0.20	-0.21 ~ 9.49	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Negativicutes(c)	0.00024	-0.20	1.43 ~ 5.90	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Veillonella(g)	0.00024	-0.20	3.21 ~ 12.29	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pandoraea(g)	0.00024	-0.20	0.22 ~ 8.23	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rubrivivax(g)	0.00024	-0.20	1.31 ~ 5.04	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Thauera(g)	0.00024	-0.20	-2.3 ~ 8.27	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Dokdonella(g)	0.00024	-0.20	0.91 ~ 4.63	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Komagataeibacter(g)	0.00024	-0.20	-1.6 ~ -0.54	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pelobacter(g)	0.00024	-0.20	-2.1 ~ -0.62	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Lawsonia(g)	0.00024	-0.20	0.61 ~ 4.82	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfobulbus(g)	0.00024	-0.20	1.68 ~ 5.71	▼

Bacteria	Actinomycetota	unkn. Coriobacteriales(o)	0.00021	-0.32	1.25 ~ 4.82	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Actinoplanes(g)	0.00021	-0.32	1.06 ~ 4.63	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Nocardioides(g)	0.00021	-0.32	-1.6 ~ -0.63	▲
Bacteria	Actinomycetota	Arachnia propionica	0.00021	-0.32	-0.42 ~ 3.60	≡
Bacteria	Actinomycetota	Schaalia turicensis	0.00021	-0.32	0.44 ~ 5.36	▼
Bacteria	Actinomycetota	Actinomyces pacaensis	0.00021	-0.32	1.14 ~ 7.53	▼
Bacteria	Actinomycetota	Bifidobacterium bifidum	0.00021	-0.32	1.26 ~ 12.10	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Tsukamurella(g)	0.00021	-0.32	-1.5 ~ -0.62	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Thermomonospora(g)	0.00021	-0.32	-1.9 ~ -0.67	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Curtobacterium(g)	0.00021	-0.32	-1.6 ~ -0.63	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Clavibacter(g)	0.00021	-0.32	-1.5 ~ -0.64	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Rothia(g)	0.00021	-0.32	1.26 ~ 9.75	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Fermentimonas(g)	0.00021	-0.32	-2.3 ~ -0.59	▲
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Rikenellaceae(f)	0.00021	-0.32	0.16 ~ 3.12	▼
Bacteria	Bacteroidota	Barnesiella sp.	0.00021	-0.32	0.068 ~ 7.03	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Chryseobacterium(g)	0.00021	-0.32	2.37 ~ 7.64	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Ornithobacterium(g)	0.00021	-0.32	-3.4 ~ 6.55	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Pontibacter(g)	0.00021	-0.32	-1.6 ~ -0.55	▲
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Fibrella(g)	0.00021	-0.32	-1.7 ~ -0.58	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Lactobacillus(g)	0.00021	-0.32	3.46 ~ 9.90	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Geobacillus(g)	0.00021	-0.32	2.96 ~ 5.95	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Heliobacterium(g)	0.00021	-0.32	0.57 ~ 3.54	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Lachnoanaerobaculum(g)	0.00021	-0.32	-2.5 ~ -0.74	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Acetivibrio(g)	0.00021	-0.32	4.02 ~ 8.06	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Acidaminococcaceae(f)	0.00021	-0.32	-0.42 ~ 3.51	≡
Bacteria	Fusobacteria	unkn. Streptobacillus(g)	0.00021	-0.32	0.72 ~ 3.89	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Janthinobacterium(g)	0.00021	-0.32	-2.7 ~ 7.21	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sulfuritalea(g)	0.00021	-0.32	0.55 ~ 3.81	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Shigella(g)	0.00021	-0.32	-0.24 ~ 3.77	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pseudoxanthomonas(g)	0.00021	-0.32	-2.2 ~ -0.54	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhizorhabdus(g)	0.00021	-0.32	0.98 ~ 4.88	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Phreatobacter(g)	0.00021	-0.32	1.04 ~ 4.73	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Ensifer(g)	0.00021	-0.32	-1.5 ~ -0.64	▲

Bacteria	Proteobacteria	unkn. Magnetospirillum(g)	0.00021	-0.32	1.92 ~ 6.27	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Cereibacter(g)	0.00021	-0.32	-1.5 ~ -0.59	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Vulgatibacter(g)	0.00021	-0.32	-1.7 ~ -0.61	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfobacca(g)	0.00021	-0.32	0.58 ~ 3.99	▼
Bacteria	Actinomycetota	Adlercreutzia equolifaciens	0.00018	-0.45	-2.2 ~ -0.63	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Jiangella(g)	0.00018	-0.45	-2.8 ~ 5.49	▬
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Aeromicrobium(g)	0.00018	-0.45	-1.6 ~ -0.68	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Pimelobacter(g)	0.00018	-0.45	-2.0 ~ -0.55	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Propionibacterium(g)	0.00018	-0.45	1.24 ~ 5.60	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Nocardiosis(g)	0.00018	-0.45	-1.6 ~ -0.58	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Agrococcus(g)	0.00018	-0.45	0.85 ~ 5.03	▼
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Dermacoccus(g)	0.00018	-0.45	-2.0 ~ -0.69	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Isoptericola(g)	0.00018	-0.45	-1.6 ~ -0.72	▲
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroides sp. S-18	0.00018	-0.45	-0.26 ~ 3.15	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Cruoricaptor(g)	0.00018	-0.45	0.014 ~ 4.87	▼
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Weeksellaceae(f)	0.00018	-0.45	0.62 ~ 5.48	▼
Bacteria	Planctomycetota	unkn. Planctomyces(g)	0.00018	-0.45	-1.7 ~ -0.69	▲
Bacteria	Spirochaetes	Treponema succinifaciens	0.00018	-0.45	-4.8 ~ 7.93	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Limosilactobacillus(g)	0.00018	-0.45	2.31 ~ 10.53	▼
Bacteria	Bacillota	Leuconostoc citreum	0.00018	-0.45	-0.26 ~ 1.31	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Candidatus Desulforudis(g)	0.00018	-0.45	-1.9 ~ -0.58	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Desulforamulus(g)	0.00018	-0.45	2.04 ~ 5.57	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Desulfofundulus(g)	0.00018	-0.45	-2.0 ~ -0.59	▲
Bacteria	Bacillota	Lachnospiraceae bacterium oral taxon 500	0.00018	-0.45	1.74 ~ 6.21	▼
Bacteria	Bacillota	Fusicatenibacter saccharivorans	0.00018	-0.45	-2.1 ~ -0.53	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Pseudoclostridium(g)	0.00018	-0.45	0.65 ~ 8.41	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Thermoanaerobacterium(g)	0.00018	-0.45	1.81 ~ 4.94	▼
Bacteria	Bacillota	Phascolarctobacterium succinatutens	0.00018	-0.45	-2.4 ~ -0.98	▲
Bacteria	Bacillota	Dialister succinatiphilus	0.00018	-0.45	0.13 ~ 10.24	▼
Bacteria	Bacillota	Megasphaera stantonii	0.00018	-0.45	-4.6 ~ 9.87	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Laribacter(g)	0.00018	-0.45	-3.1 ~ 5.98	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sterolibacterium(g)	0.00018	-0.45	-1.8 ~ -0.61	▲

Bacteria	Proteobacteria	unkn. Thioflaviccoccus(g)	0.00018	-0.45	-2.0 ~ -0.65	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Dickeya(g)	0.00018	-0.45	-3.0 ~ 7.53	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Citrobacter(g)	0.00018	-0.45	3.85 ~ 13.75	▼
Bacteria	Proteobacteria	Escherichia albertii	0.00018	-0.45	-0.42 ~ 3.55	▼
Bacteria	Proteobacteria	Escherichia fergusonii	0.00018	-0.45	-0.39 ~ 4.33	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Methylogaea(g)	0.00018	-0.45	-2.1 ~ -0.67	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Acidithiobacillus(g)	0.00018	-0.45	-1.7 ~ -0.59	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Hyphomicrobiales(o)	0.00018	-0.45	-1.4 ~ -0.65	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Hyphomonas(g)	0.00018	-0.45	-1.6 ~ -0.66	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Phenyllobacterium(g)	0.00018	-0.45	-1.9 ~ -0.54	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Maridesulfovibrio(g)	0.00018	-0.45	-2.1 ~ -0.57	▲
Bacteria	Proteobacteria	Lawsonia intracellularis	0.00018	-0.45	-1.9 ~ -0.65	▲
Bacteria	Cyanobacteria	unkn. Synechococcus(g)	0.00018	-0.45	1.66 ~ 4.83	▼
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Opiritutus(g)	0.00015	-0.61	-1.4 ~ -0.65	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Actinosynnema(g)	0.00015	-0.61	-1.6 ~ -0.65	▲
Bacteria	Actinomycetota	Schaalia odontolytica	0.00015	-0.61	-2.4 ~ -0.63	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Thermobispora(g)	0.00015	-0.61	-1.9 ~ -0.70	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Leifsonia(g)	0.00015	-0.61	-1.4 ~ -0.54	▬
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Arsenicococcus(g)	0.00015	-0.61	-1.7 ~ -0.73	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Intrasporangium(g)	0.00015	-0.61	-1.9 ~ -0.75	▲
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Pedococcus(g)	0.00015	-0.61	-1.8 ~ -0.83	▲
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Odoribacteraceae(f)	0.00015	-0.61	-2.2 ~ -0.73	▲
Bacteria	Bacteroidota	Prevotella melaninogenica	0.00015	-0.61	-2.0 ~ -0.77	▲
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Kaistella(g)	0.00015	-0.61	-2.0 ~ -0.71	▲
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Elizabethkingia(g)	0.00015	-0.61	1.58 ~ 6.46	▼
Bacteria	Spirochaetes	unkn. Salinispira(g)	0.00015	-0.61	-2.0 ~ -0.78	▲
Bacteria	Chloroflexi	unkn. Sphaerobacter(g)	0.00015	-0.61	-1.9 ~ -0.62	▲
Bacteria	Bacillota	Streptococcus intermedius	0.00015	-0.61	0.74 ~ 6.19	▼
Bacteria	Bacillota	Streptococcus infantarius	0.00015	-0.61	-2.1 ~ -0.76	▲
Bacteria	Bacillota	Lactobacillus crispatus	0.00015	-0.61	-0.22 ~ 3.28	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Planococcus(g)	0.00015	-0.61	-1.2 ~ 8.11	▬
Bacteria	Bacillota	unkn. Staphylococcus(g)	0.00015	-0.61	3.70 ~ 7.06	▼
Bacteria	Bacillota	Lachnospiraceae bacterium 19gly4	0.00015	-0.61	-1.9 ~ -0.62	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Geosporobacter(g)	0.00015	-0.61	-0.48 ~ 8.14	▼

Bacteria	Bacillota	unkn. Gorbachella(g)	0.00015	-0.61	-0.42 ~ 4.11	▼
Bacteria	Bacillota	Subdoligranulum sp. DJF_VR33k2	0.00015	-0.61	-2.0 ~ -0.64	▲
Bacteria	Bacillota	Sporobacter termitidis	0.00015	-0.61	-1.8 ~ -0.70	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Moorella(g)	0.00015	-0.61	1.98 ~ 5.75	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Peptoniphilus(g)	0.00015	-0.61	-0.58 ~ 9.16	▼
Bacteria	Bacillota	Megasphaera elsdenii	0.00015	-0.61	-1.7 ~ -0.71	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Delftia(g)	0.00015	-0.61	-2.8 ~ 8.73	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Lautropia(g)	0.00015	-0.61	-2.2 ~ -0.60	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Aquitalea(g)	0.00015	-0.61	-2.1 ~ -0.47	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Methyloversatilis(g)	0.00015	-0.61	-1.8 ~ -0.72	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Thioalkalivibrio(g)	0.00015	-0.61	-1.4 ~ -0.61	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pectobacterium(g)	0.00015	-0.61	-2.9 ~ 6.85	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Leclercia(g)	0.00015	-0.61	-1.8 ~ -0.63	▲
Bacteria	Proteobacteria	Salmonella enterica	0.00015	-0.61	-0.063 ~ 3.48	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Microbulbifer(g)	0.00015	-0.61	-1.6 ~ -0.61	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Marinobacter(g)	0.00015	-0.61	-1.4 ~ -0.61	▲
Bacteria	Proteobacteria	Campylobacter coli	0.00015	-0.61	-2.9 ~ 8.19	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Bdellovibrio(g)	0.00015	-0.61	-1.7 ~ -0.73	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pelagerythrobacter(g)	0.00015	-0.61	-1.9 ~ -0.79	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Shinella(g)	0.00015	-0.61	-1.5 ~ -0.60	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Nitrobacteraceae(f)	0.00015	-0.61	-1.7 ~ -0.69	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhodospirillum(g)	0.00015	-0.61	-2.0 ~ -0.56	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Magnetococcus(g)	0.00015	-0.61	-3.3 ~ 4.99	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Melittangium(g)	0.00015	-0.61	-1.6 ~ -0.65	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Archangium(g)	0.00015	-0.61	-2.1 ~ -0.49	≡
Bacteria	Cyanobacteria	unkn. Cyanobium(g)	0.00015	-0.61	-1.5 ~ -0.58	≡
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Lacunisphaera(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.68	≡
Bacteria	Verrucomicrobia	unkn. Verrucomicrobium(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.69	≡
Bacteria	Actinomycetota	Eggerthella guodeyinii	0.00012	-0.79	-3.6 ~ 7.31	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Catenulispora(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ -0.69	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Saccharopolyspora(g)	0.00012	-0.79	-2.0 ~ -0.57	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Geodermatophilus(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ -0.76	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Cutibacterium(g)	0.00012	-0.79	-2.4 ~ 6.55	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Actinotignum(g)	0.00012	-0.79	-2.0 ~ -0.76	≡

Bacteria	Actinomycetota	unkn. Miniimonas(g)	0.00012	-0.79	-1.7 ~ -0.73	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Kytococcus(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ -0.71	≡
Bacteria	Actinomycetota	unkn. Pseudarthrobacter(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.70	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Tannerellaceae(f)	0.00012	-0.79	-2.1 ~ -0.82	▲
Bacteria	Bacteroidota	Butyricimonas sp. S479	0.00012	-0.79	-2.0 ~ -0.89	▲
Bacteria	Bacteroidota	Prevotella buccalis	0.00012	-0.79	-2.3 ~ -0.63	≡
Bacteria	Bacteroidota	unkn. Mucilaginibacter(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.66	≡
Bacteria	Planctomycetota	unkn. Isosphaera(g)	0.00012	-0.79	-2.0 ~ -0.83	▲
Bacteria	Chlorobi	unkn. Chlorobaculum(g)	0.00012	-0.79	1.29 ~ 3.90	▼
Bacteria	Acidobacteria	unkn. Terriglobus(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.63	≡
Bacteria	Chloroflexi	unkn. Anaerolineaceae(f)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.63	≡
Bacteria	Bacillota	Streptococcus sp. A12	0.00012	-0.79	-3.0 ~ 9.90	≡
Bacteria	Bacillota	Streptococcus constellatus	0.00012	-0.79	-2.1 ~ -0.81	▲
Bacteria	Bacillota	Streptococcus equi	0.00012	-0.79	-2.1 ~ -0.70	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Vagococcus(g)	0.00012	-0.79	-3.9 ~ 7.58	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Weissella(g)	0.00012	-0.79	-1.5 ~ -0.67	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Lysinibacillus(g)	0.00012	-0.79	-1.4 ~ 10.34	≡
Bacteria	Bacillota	Faecalibacillus intestinalis	0.00012	-0.79	-2.2 ~ -0.77	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Faecalibacillus(g)	0.00012	-0.79	-2.1 ~ -0.66	≡
Bacteria	Bacillota	Catenibacterium sp. co_0103	0.00012	-0.79	-2.2 ~ -0.80	▲
Bacteria	Bacillota	Enterocloster citroniae	0.00012	-0.79	-2.2 ~ -0.91	▲
Bacteria	Bacillota	Lachnospiraceae bacterium oral taxon 096	0.00012	-0.79	-2.2 ~ -0.83	▲
Bacteria	Bacillota	unkn. Aminipila(g)	0.00012	-0.79	-2.5 ~ -0.68	≡
Bacteria	Bacillota	[Eubacterium] sulci	0.00012	-0.79	-1.7 ~ -0.59	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Peptacetobacter(g)	0.00012	-0.79	3.04 ~ 7.11	▼
Bacteria	Bacillota	unkn. Thermoclostridium(g)	0.00012	-0.79	-1.1 ~ 8.25	≡
Bacteria	Bacillota	Ruminococcus gnavreuii	0.00012	-0.79	-2.5 ~ -0.75	≡
Bacteria	Bacillota	Caproiciproducens galactitolivorans	0.00012	-0.79	-2.4 ~ -0.64	≡
Bacteria	Bacillota	unkn. Luoshenia(g)	0.00012	-0.79	-1.8 ~ -0.65	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Hydrogenophaga(g)	0.00012	-0.79	1.85 ~ 5.60	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Ramlibacter(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.70	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Alicyclophilus(g)	0.00012	-0.79	-3.5 ~ 6.12	≡
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Chitinimonas(g)	0.00012	-0.79	-2.0 ~ -0.64	≡

Bacteria	Proteobacteria	Lautropia mirabilis	0.00012	-0.79	-2.1 ~ -0.82	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Roseateles(g)	0.00012	-0.79	-1.7 ~ -0.67	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sulfuriferula(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ -0.80	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Acidiferrobacter(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ -0.77	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Edwardsiella(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ 7.54	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Kosakonia(g)	0.00012	-0.79	-1.7 ~ -0.61	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Morganella(g)	0.00012	-0.79	-3.2 ~ 5.92	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rahnella(g)	0.00012	-0.79	-1.5 ~ -0.56	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Gibbsiella(g)	0.00012	-0.79	-2.0 ~ -0.81	▲
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Moraxella(g)	0.00012	-0.79	-1.7 ~ -0.70	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Luteibacter(g)	0.00012	-0.79	-1.8 ~ -0.78	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Dyella(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.57	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Alcanivorax(g)	0.00012	-0.79	-1.4 ~ -0.59	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Halopseudomonas(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.68	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Helicobacter(g)	0.00012	-0.79	-3.3 ~ 4.28	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Qipengyuania(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.66	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pannonibacter(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.63	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Pseudolabrys(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ -0.65	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Starkeya(g)	0.00012	-0.79	-2.0 ~ -0.66	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Rhizobiaceae(f)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.66	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Microvirga(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.65	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Bosea(g)	0.00012	-0.79	-1.6 ~ -0.61	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Martelella(g)	0.00012	-0.79	-1.5 ~ -0.61	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Nitrospirillum(g)	0.00012	-0.79	-1.7 ~ -0.73	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Sulfitobacter(g)	0.00012	-0.79	-1.5 ~ -0.64	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Yangia(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ -0.70	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Caulobacter(g)	0.00012	-0.79	1.30 ~ 6.96	▼
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Haliangium(g)	0.00012	-0.79	-1.9 ~ -0.61	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Stigmatella(g)	0.00012	-0.79	-1.8 ~ -0.66	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Geotalea(g)	0.00012	-0.79	-2.1 ~ -0.56	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfovibri- onaceae(f)	0.00012	-0.79	-1.7 ~ -0.66	▬
Bacteria	Proteobacteria	unkn. Desulfurivibrio(g)	0.00012	-0.79	-2.0 ~ -0.65	▬
Fungi	Ascomycota	Saccharomyces cerevisiae	0.024	4.32	0.36 ~ 5.92	▬
Fungi	Ascomycota	unkn. Saccharomyces(g)	0.019	4.08	1.02 ~ 7.62	▬

Fungi	Ascomycota	unkn. Saccharomycetales(o)	0.00035	0.16	-0.18 ~ 2.71	≡
Fungi	Ascomycota	unkn. Saccharomycetaceae(f)	0.00021	-0.32	-0.21 ~ 2.79	▼
Fungi	Ascomycota	unkn. Aspergillus(g)	0.00015	-0.61	-3.0 ~ 7.13	≡
Other Eukaryotes	unkn. Eukaryota(d)	unkn. Eukaryota(d)	0.00080	0.93	0.29 ~ 3.71	≡
Other Eukaryotes	Platyhelminthes	Schistosoma guineensis	0.00024	-0.20	-0.61 ~ 3.37	≡
Other Eukaryotes	Candidatus Thermoplasmatota	unkn. Methanomassiliicoccaceae(f)	0.000088	-1.0	-1.9 ~ -0.57	≡
Other Eukaryotes	unkn. Eukaryota(d)	unkn. Blastocystis(g)	0.000059	-1.3	-1.9 ~ -0.82	≡
Other Eukaryotes	Platyhelminthes	Schistosoma bovis	0.000059	-1.3	-2.2 ~ -0.91	≡
Other Eukaryotes	Platyhelminthes	unkn. Spirometra(g)	0.000059	-1.3	-2.1 ~ -0.87	≡
Other Eukaryotes	Euryarchaeota	unkn. Methanoculleus(g)	0.000059	-1.3	-1.6 ~ -0.79	≡
Other Eukaryotes	Platyhelminthes	unkn. Schistosoma(g)	0.000029	-1.7	-2.0 ~ -0.83	≡
Other Eukaryotes	Platyhelminthes	Schistosoma curassoni	0.000029	-1.7	-2.1 ~ -0.90	≡
Other Eukaryotes	Platyhelminthes	Spirometra erinaceieuropaei	0.000029	-1.7	-2.1 ~ -0.88	≡
Other Eukaryotes	Candidatus Thermoplasmatota	unkn. Candidatus Methanomethylophilus(g)	0.000029	-1.7	-1.9 ~ -0.75	≡
Other Eukaryotes	Euryarchaeota	unkn. Methanocorpusculum(g)	0.000029	-1.7	-2.0 ~ -0.68	≡
Other Eukaryotes	Euryarchaeota	unkn. Halobacterium(g)	0.000029	-1.7	-2.0 ~ -0.78	≡

Livello di rilevamento fino al: 0.001 % per batteri, 0.00001 % per funghi e 0.1 % per altri eucarioti

Per le specie di altri eucarioti non sono disponibili valori di riferimento per la popolazione generale

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