

Raport Mikrobiologiczny z Analizy Próbkki przy Użyciu Sekwencjonowania DNA metodą NGS III Generacji

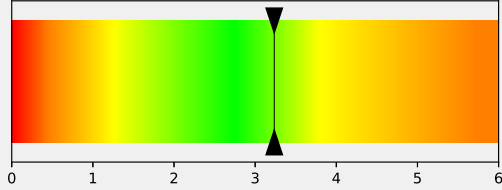
| | |
|--------------------------------|-------------------|
| Typ Analizy: | SPK_H-KAL |
| Numer Badania: | 7NTEPzbU6 / |
| Nazwa Badania: | SPARK-biomSCAN |
| Imię i Nazwisko oraz nr Pesel: | n/d / n/d |
| Rodzaj Materiału i nr Próbkki: | kał ludzki/ BX023 |
| Nazwa i Kod Zlecenia: | Test 1/ BX023 |
| Data i Godzina Pobrania: | 03.01.2024 /10:10 |
| Data i Godzina Przyjęcia: | 04.01.2024 /10:20 |
| Lekarz Kierujący: | n/d |

Sekcja 1: Charakterystyka Mikrobiomu: Kompleksowa Analiza Organizmów

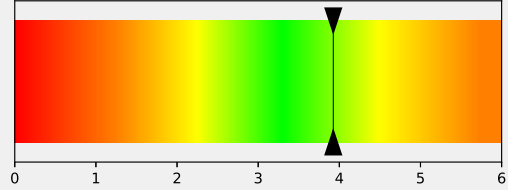
Zidentyfikowano 183 organizmów na poziomie Rodzaju (Genus)

Zidentyfikowano 418 organizmów na poziomie Gatunku (Species)

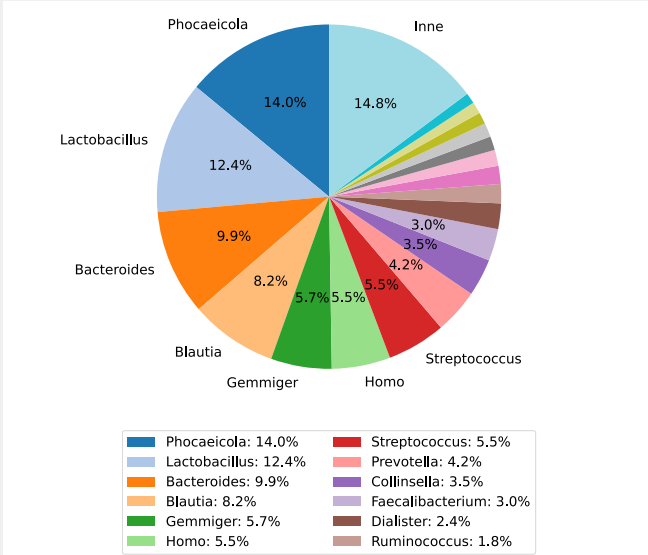
Wskaźnik Shannona: Miara Różnorodności Biologicznej



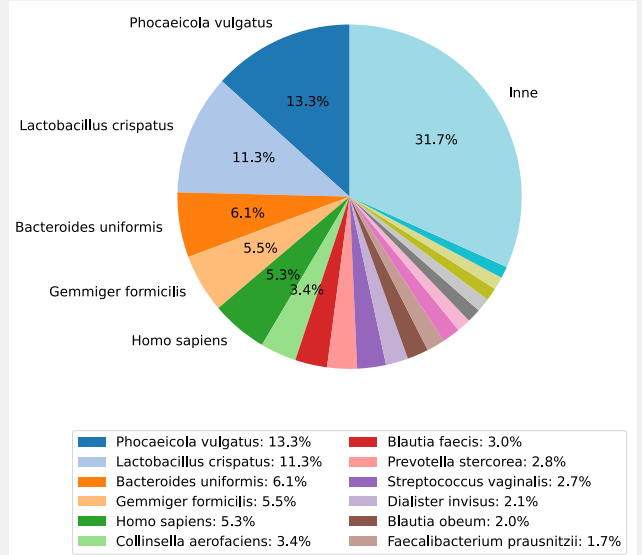
Wskaźnik Shannona: Miara Różnorodności Biologicznej



Rozkład Rodzajów Organizmów



Rozkład Gatunków Organizmów



Analiza Mikrobiomu

Sekcja 1 prezentuje kompleksowy obraz mikrobiomu, obejmując wszystkie grupy mikroorganizmów, takie jak bakterie, grzyby, pierwotniaki, a także inne mikroby. Zidentyfikowane organizmy są przedstawione na dwóch poziomach klasyfikacji: rodzaju (łac. genus) i gatunku (łac. species), co pozwala na dogłębną analizę ich różnorodności.

• Wskaźnik Shannona: Miara Różnorodności Biologicznej

Wskaźnik Shannona służy do oceny różnorodności biologicznej w próbce mikrobiomu. Wartości wskaźnika w przedziale od 3 do 4,5 (dla

poziomu gatunku) oraz od 2,5 do 4 (dla poziomu rodzaju) są uważane za wskazujące na dobrą różnorodność. Niższe wartości mogą sygnalizować problemy z różnorodnością, co potencjalnie wpływa na zdrowie, podczas gdy wyższe wartości, choć mogą być korzystne, w niektórych sytuacjach klinicznych mogą również wskazywać na problemy. Interpretacja wyników powinna być dostosowana do indywidualnej sytuacji klinicznej pacjenta.

- **Analiza Graficzna: Wykresy Kołowe**

Wykresy kołowe przedstawiają procentowy udział różnych rodzajów lub gatunków mikroorganizmów w analizowanym mikrobiomie. Ułatwia to identyfikację dominujących mikrobów oraz ocenę ich różnorodności. Kategoria „pozostałe” zawiera organizmy, które indywidualnie stanowią mniej niż 1% próbki.

- **Różnica między Rodzajem a Gatunkiem:**

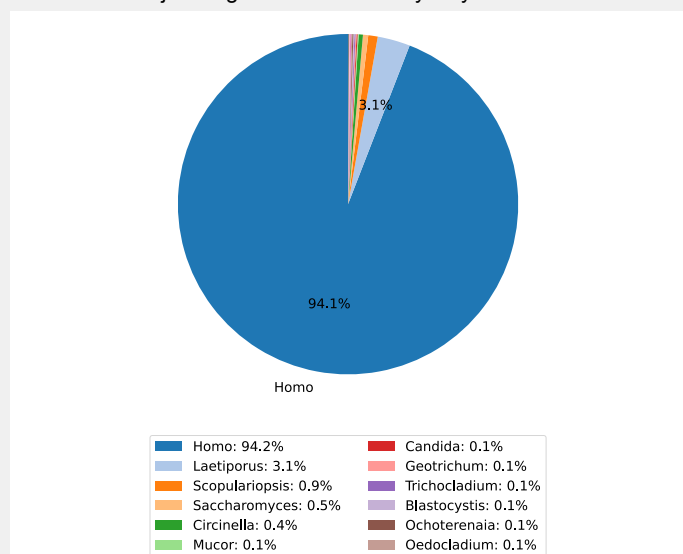
Rodzaj (łac. genus) i gatunek (łac. species) to terminy odnoszące się do różnych poziomów klasyfikacji biologicznej, przy czym rodzaj jest kategorią wyższą niż gatunek. Analiza na poziomie rodzaju dostarcza ogólnego obrazu różnorodności mikrobiomu, podczas gdy analiza na poziomie gatunku oferuje bardziej szczegółowe informacje. Warto zauważyć, że liczba organizmów rozpoznanych na poziomie gatunku jest zwykle większa niż na poziomie rodzaju.

Sekcja 2: Charakterystyka Mikrobiomu: Kompleksowa Analiza Organizmów

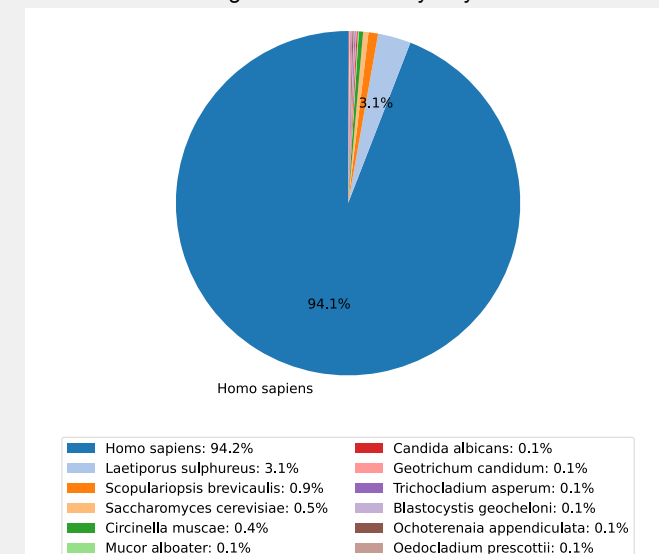
Zidentyfikowano 15 organizmów eukariotycznych na poziomie Rodzaju (Genus)

Zidentyfikowano 15 organizmów eukariotycznych na poziomie Gatunku (Species)

Rozkład Rodzajów Organizmów Eukariotycznych



Rozkład Gatunków Organizmów Eukariotycznych



Organizmy Eukariotyczne w Twoim Mikrobiomie

W tej sekcji przedstawiamy rozkład ograniczony do organizmów eukariotycznych w badanym mikrobiomie (bez bakterii). Mikrobiom zdominowany jest głównie przez bakterie, jednak zawiera również organizmy eukariotyczne, takie jak grzyby i pierwotniaki. Inne przykłady organizmów eukariotycznych obejmują drożdże, pleśnie oraz różne mikroskopijne organizmy wielokomórkowe.

Analiza Graficzna: Wykresy Kołowe:

Wykresy kołowe przedstawiają procentowy udział różnych rodzajów lub gatunków mikroorganizmów w analizowanym mikrobiomie. Ułatwia to identyfikację dominujących mikrobów oraz ocenę ich różnorodności. Kategoria „pozostałe” zawiera organizmy, które indywidualnie stanowią mniej niż 0.5% wszystkich organizmów eukariotycznych.

Organizmy eukariotyczne różnią się od bakterii pod wieloma względami, które wpływają na ich obecność i liczebność w mikrobiomie. Oto kilka kluczowych punktów:

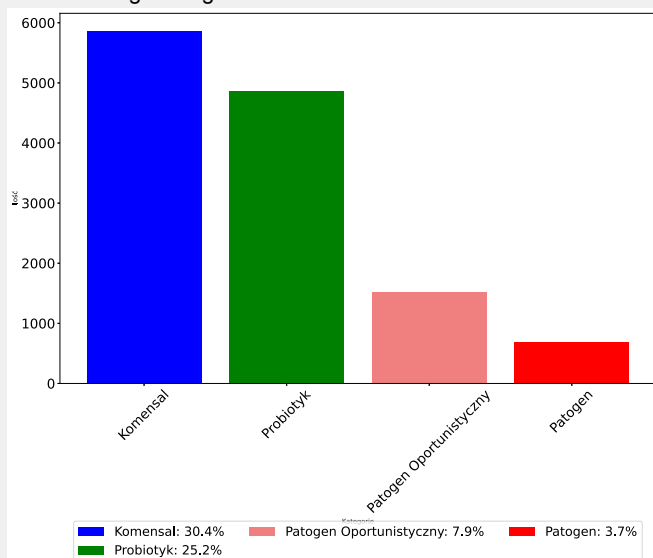
- Kompleksowość Komórki:** Komórki eukariotyczne są bardziej złożone niż komórki bakteryjne. Mają jądro komórkowe otoczone błoną, które zawiera ich DNA, oraz liczne organella komórkowe, takie jak mitochondria i aparatu Golgiego. Większa złożoność komórek eukariotycznych może sprawić, że ich rozwój i rozmnażanie jest wolniejsze w porównaniu z bakteriami, co może wpłynąć na ich liczebność w mikrobiomie.
- Rozmiar Komórki:** Komórki eukariotyczne są zazwyczaj większe niż komórki bakteryjne, co również może wpłynąć na ich liczebność i rozmieszczenie w mikrobiomie.
- Wymagania Środowiskowe:** Organizmy eukariotyczne mogą mieć bardziej specyficzne wymagania środowiskowe niż bakterie, co może ograniczyć różnorodność i liczebność organizmów eukariotycznych w mikrobiomie.
- Interakcje z Innych Mikroorganizmami:** Organizmy eukariotyczne mogą wchodzić w interakcje z bakteriami i innymi mikroorganizmami w mikrobiomie w różny sposób, co może wpłynąć na ich obecność i liczebność.

Rozkład organizmów eukariotycznych na wykresach kołowych przedstawia, jakie rodzaje i gatunki organizmów eukariotycznych są obecne w badanym mikrobiomie i jak są zróżnicowane.

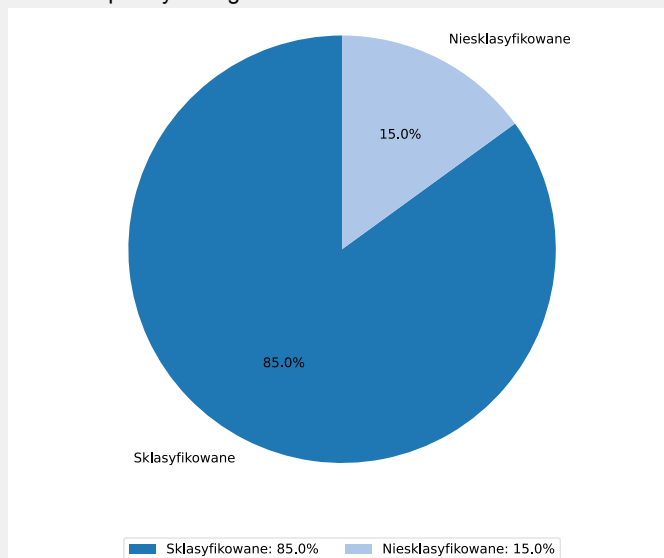
Analiza ta może pomóc w zrozumieniu interakcji między różnymi typami mikroorganizmów a organizmami, od których pochodzą próbki (zarówno ludźmi, jak i zwierzętami), oraz jak te interakcje mogą wpłynąć na ich zdrowie.

Sekcja 3: Klasyfikacja Mikroorganizmów według Potencjalnego Wpływu na Zdrowie

Rozkład Kategorii Organizmów na Poziomie Gatunku



Rozkład Opisanych Organizmów na Poziomie Gatunku



Klasyfikacja Mikroorganizmów

W tej sekcji przedstawiamy klasyfikację mikroorganizmów na podstawie ich potencjalnego wpływu na zdrowie ludzkie. Klasyfikacja ta opiera się na aktualnych badaniach naukowych oraz literaturze medycznej i klinicznej.

- **Patogen:** Mikroorganizmy sklasyfikowane jako patogeny są uważane za szkodliwe i zazwyczaj wymagają eradykacji, szczególnie gdy występują objawy kliniczne. Przykłady to bakterie powodujące zakażenia, takie jak Salmonella czy Staphylococcus aureus.
- **Warunkowy Patogen:** Te mikroorganizmy mogą być obojętne dla zdrowego organizmu, ale mogą powodować choroby w określonych warunkach, na przykład gdy system odpornościowy jest osłabiony lub gdy przenikną do nienormalnych miejsc w ciele.
- **Komensal:** Komensale to mikroorganizmy, które współżyją z nami w sposób korzystny lub neutralny. Nie powodują chorób, a często zapewniają korzyści, takie jak pomoc w trawieniu pokarmu lub ochrona przed patogenami.
- **Probiotyk:** Probiotyki to specjalna kategoria komensali, które zostały udowodnione, że przynoszą korzyści zdrowotne. Przykłady obejmują niektóre szczepy bakterii Lactobacillus i Bifidobacterium, które mogą poprawiać zdrowie jelit i wspomagać system odpornościowy.
- **Brak Danych:** Kategoria ta obejmuje mikroorganizmy, które nie mogły być jednoznacznie sklasyfikowane na podstawie dostępnych informacji naukowych.

Prezentujemy te dane za pomocą wykresu słupkowego i kołowego. Wykres słupkowy ilustruje procentowy udział każdej z tych kategorii na poziomie gatunku (species). Wykres kołowy przedstawia ilość sklasyfikowanych organizmów w mikrobiomie. Kolory słupków są zgodne z legendą pod wykresem.

Poniżej przedstawiamy tabele z dla każdej klasy, z wyłączeniem organizmów stanowiących mniej 0.5% wyszkach organizmów.

Komensal+Probiotyk

| Liczba (Count) | Procent (%) | Typ Wpisu (Entry Type) | Nazwa Taksonomiczna (Tax Name) | Klasa |
|----------------|-------------|------------------------|--------------------------------|-----------|
| 2568 | 13.29 | Bacteria | Phocaeicola vulgatus | Komensal |
| 2180 | 11.28 | Bacteria | Lactobacillus crispatus | Probiotyk |
| 1171 | 6.06 | Bacteria | Bacteroides uniformis | Komensal |
| 572 | 2.96 | Bacteria | Blautia faecis | Probiotyk |
| 538 | 2.78 | Bacteria | Prevotella stercorea | Komensal |
| 409 | 2.12 | Bacteria | Dialister invisus | Komensal |

| | | | | |
|-----|------|----------|--|------------|
| 378 | 1.96 | Bacteria | <i>Blautia obeum</i> | Probiotyky |
| 336 | 1.74 | Bacteria | <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> | Probiotyky |
| 249 | 1.29 | Bacteria | <i>Anaerobutyricum soehngeni</i> | Probiotyky |
| 238 | 1.23 | Bacteria | <i>Slackia isoflavoniconvertens</i> | Probiotyky |
| 227 | 1.18 | Bacteria | <i>Bacteroides ovatus</i> | Komensal |
| 218 | 1.13 | Bacteria | <i>Faecalibacterium butyricigenerans</i> | Probiotyky |
| 204 | 1.06 | Bacteria | <i>Agathobaculum butyriciproducens</i> | Komensal |
| 200 | 1.04 | Bacteria | <i>Streptococcus salivarius</i> | Probiotyky |
| 148 | 0.77 | Bacteria | <i>Prevotella disiens</i> | Komensal |
| 141 | 0.73 | Bacteria | <i>Blautia wexlerae</i> | Komensal |
| 117 | 0.61 | Bacteria | <i>Roseburia intestinalis</i> | Probiotyky |

Sekcja 4: Identyfikacja i analiza ilościowa organizmów patogenów oraz potencjalnie chorobotwórczych

Bakterie Gram-Dodatnie

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|----------------|---------|--------|--|
| Staphylococcus | 1279 | Niski | <i>S. hominis</i> , <i>S. haemolyticus</i> , <i>S. warneri</i> , <i>S. saprophyticus</i> , <i>S. croceilyticus</i> , <i>S. succinus</i> , <i>S. delphini</i> , <i>S. epidermidis</i> , <i>S. borealis</i> , <i>S. aureus</i> , <i>S. equorum</i> , <i>S. capitis</i> |
| Streptococcus | 1301 | Wysoki | <i>S. vaginalis</i> , <i>S. salivarius</i> , <i>S. anginosus</i> , <i>S. vestibularis</i> , <i>S. equinus</i> , <i>S. sanguinis</i> , <i>S. parasanguinis</i> , <i>S. timonensis</i> , <i>S. shenyangsis</i> , <i>S. australis</i> , <i>S. gwangjuense</i> , <i>S. lutetiensis</i> , <i>S. peroris</i> , <i>S. constellatus</i> , <i>S. xiaochunlingii</i> , <i>S. mutans</i> , <i>S. koreensis</i> , <i>S. pneumoniae</i> , <i>S. suis</i> , <i>S. downei</i> |
| Clostridium | 1485 | Średni | <i>C. fessum</i> , <i>C. saudiense</i> , <i>C. porci</i> , <i>C. indicum</i> , <i>C. transplantifaecale</i> , <i>C. phoceensis</i> , <i>C. moniliforme</i> , <i>C. chartatabidum</i> , <i>C. vitabionis</i> |

Bakterie Gram-Ujemne

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|---------------|---------|--------|---|
| Campylobacter | 194 | Niski | <i>C. ureolyticus</i> |
| Pseudomonas | 286 | Brak | |
| Legionella | 445 | Brak | |
| Acinetobacter | 469 | Brak | |
| Neisseria | 482 | Brak | |
| Bordetella | 517 | Brak | |
| Citrobacter | 544 | Brak | |
| Escherichia | 561 | Średni | <i>E. coli</i> , <i>E. fergusonii</i> , <i>E. albertii</i> |
| Klebsiella | 570 | Brak | |
| Salmonella | 590 | Niski | <i>S. enterica</i> |
| Morganella | 581 | Brak | |
| Proteus | 583 | Brak | |
| Providencia | 586 | Brak | |
| Serratia | 613 | Brak | |
| Shigella | 620 | Niski | <i>S. boydii</i> , <i>S. dysenteriae</i> , <i>S. flexneri</i> , <i>S. genomsp. SF-2015</i> , <i>S. sonnei</i> |
| Yersinia | 629 | Brak | |
| Aeromonas | 642 | Brak | |
| Plesiomonas | 702 | Brak | |
| Haemophilus | 724 | Niski | <i>H. parainfluenzae</i> |
| Porphyromonas | 836 | Niski | <i>P. somerae</i> , <i>P. bennonis</i> |

Specjalne Patogeny Bakteryjne

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|-------------|---------|--------|----------------------|
| Leptospira | 171 | Brak | |
| Brucella | 234 | Brak | |
| Francisella | 262 | Brak | |
| Bartonella | 773 | Brak | |
| Coxiella | 776 | Brak | |
| Chlamydia | 810 | Brak | |

Grzyby z gromady Ascomycota

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|------------------|---------|--------|----------------------|
| Aspergillus | 5052 | Brak | |
| Talaromyces | 5094 | Brak | |
| Penicillium | 5073 | Brak | |
| Paecilomyces | 33202 | Brak | |
| Fusarium | 5506 | Brak | |
| Trichophyton | 5550 | Brak | |
| Microsporum | 34392 | Brak | |
| Nannizzia | 1915381 | Brak | |
| Epidermophyton | 34390 | Brak | |
| Histoplasma | 5036 | Brak | |
| Blastomyces | 229219 | Brak | |
| Coccidioides | 5500 | Brak | |
| Paracoccidioides | 38946 | Brak | |
| Sporothrix | 29907 | Brak | |
| Pneumocystis | 4753 | Brak | |
| Candida | 5475 | Brak | |
| Nakaseomyces | 374468 | Brak | |
| Pichia | 4919 | Brak | |
| Clavispora | 36910 | Brak | |
| Macrorhabdus | 349298 | Brak | |
| Geotrichum | 43987 | Brak | |
| Debaryomyces | 4958 | Brak | |

Grzyby z gromady Basidiomycota

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|-------|---------|--------|----------------------|
| | | | |

| | | | |
|-----------------------|-------|------|--|
| Schizophyllum commune | 5334 | Brak | |
| Malassezia | 55193 | Brak | |
| Rhodotorula | 5533 | Brak | |
| Cryptococcus | 5206 | Brak | |
| Trichosporon | 5552 | Brak | |

Grzyby z gromady Mucoromycota

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|-------------|---------|--------|----------------------|
| Rhizopus | 4842 | Brak | |
| Lichtheimia | 688353 | Brak | |
| Mucor | 4830 | Brak | |

Patogeny jednokomórkowe (Protisty) - Rzęsistki i Powiązane Organizmy

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|------------------|---------|--------|----------------------|
| Pentatrichomonas | 5727 | Brak | |
| Trichomonas | 5721 | Brak | |
| Dientamoeba | 43351 | Brak | |
| Histomonas | 135587 | Brak | |
| Babesia | 5864 | Brak | |
| Theileria | 5873 | Brak | |

Patogeny jednokomórkowe (Protisty) - Kokcydia i Pokrewne Pasożyty

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|-----------------|---------|--------|----------------------|
| Isospora | 56625 | Brak | |
| Cryptosporidium | 5806 | Brak | |
| Cyclospora | 44417 | Brak | |
| Cystoisospora | 242060 | Brak | |
| Toxoplasma | 5810 | Brak | |
| Eimeria | 5800 | Brak | |

Patogeny jednokomórkowe (Protisty) - Różnorodne Protisty Patogenne

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|--------------|---------|--------|----------------------|
| Leishmania | 5658 | Brak | |
| Chilomastix | 450634 | Brak | |
| Giardia | 5740 | Brak | |
| Endolimax | 110787 | Brak | |
| Entamoeba | 5758 | Brak | |
| Blastocystis | 12967 | Brak | |

| | | | |
|--------------|---------|------|--|
| Balantioides | 2038102 | Brak | |
|--------------|---------|------|--|

Pasożyty wielokomórkowe (Metazoa)-Przywry

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|--------------|---------|--------|----------------------|
| Clonorchis | 79922 | Brak | |
| Metagonimus | 84527 | Brak | |
| Opisthorchis | 6197 | Brak | |
| Schistosoma | 6181 | Brak | |
| Paragonimus | 34503 | Brak | |
| Fasciola | 6191 | Brak | |
| Fasciolopsis | 27844 | Brak | |
| Dicrocoelium | 57077 | Brak | |
| Alaria | 138589 | Brak | |
| Nanophyetus | 197560 | Brak | |

Pasożyty wielokomórkowe (Metazoa)-Tasiemce

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|-------------------|---------|--------|----------------------|
| Dibothriocephalus | 2267273 | Brak | |
| Hymenolepis | 6215 | Brak | |
| Dipylidium | 66786 | Brak | |
| Echinococcus | 6209 | Brak | |
| Taenia | 6202 | Brak | |

Pasożyty wielokomórkowe (Metazoa)-Nicienie

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Znalezione organizmy |
|----------------|---------|--------|----------------------|
| Ancylostoma | 29169 | Brak | |
| Anisakis | 6268 | Brak | |
| Ascaris | 6251 | Brak | |
| Enterobius | 51027 | Brak | |
| Toxocara | 6264 | Brak | |
| Strongyloides | 6247 | Brak | |
| Necator | 51030 | Brak | |
| Dracunculus | 318478 | Brak | |
| Trichinella | 6333 | Brak | |
| Trichuris | 36086 | Brak | |
| Paracapillaria | 1457283 | Brak | |
| Capillaria | 119095 | Brak | |
| Baylisascaris | 6258 | Brak | |



Sekcja 5: Skład mikrobiomu jelitowego - Typy i Rodziny

Phyllum (Typ)

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Zakres referencyjny (%) | | Wartość |
|---------------------------------|---------|----------|-------------------------|--------|---------|
| Bacillota (Firmicutes) | 1239 | W Normie | 33.891 | 65.9 | 53.01 |
| Bacteroidota (Bacteroidetes) | 976 | W Normie | 22.314 | 54.773 | 32.26 |
| Pseudomonadota (Proteobacteria) | 1224 | W Normie | 0.846 | 4.69 | 1.86 |
| Actinomycetota (Actinobacteria) | 201174 | Wysoki | 0.418 | 3.312 | 7.0 |
| Mycoplasmata (Tenericutes) | 544448 | Niski | 0.019 | 0.537 | 0 |
| Lentisphaerota (Lentisphaerae) | 256845 | Niski | 0.027 | 0.345 | 0 |
| Synergistota (Synergistetes) | 508458 | Niski | 0.004 | 0.041 | 0 |
| Fusobacteriota (Fusobacteria) | 32066 | W Normie | 0.004 | 0.119 | 0.01 |
| Candidatus saccharibacteria | 95818 | Niski | 0.002 | 0.011 | 0 |
| Ascomycota | 4890 | Wysoki | 0.002 | 0.01 | 0.1 |

Family (Rodzina)

| Nazwa | NCBI ID | Poziom | Zakres referencyjny (%) | | Wartość |
|------------------------------------|---------|----------|-------------------------|-------|---------|
| Lachnospiraceae | 186803 | W Normie | 11.77 | 30.91 | 16.16 |
| Tannerellaceae | 2005525 | Niski | 2.23 | 6.37 | 1.79 |
| Oscillospiraceae (Ruminococcaceae) | 216572 | W Normie | 8.23 | 15.76 | 8.98 |
| Clostridiaceae | 31979 | Niski | 1.4 | 3.14 | 1.14 |
| Erysipelotrichaceae | 128827 | Niski | 0.14 | 1.51 | 0.04 |
| Oscillospiraceae | 216572 | Wysoki | 0.8 | 2.07 | 8.98 |
| Veillonellaceae | 31977 | Wysoki | 0.27 | 2.17 | 2.8 |
| Bacteroidaceae | 815 | W Normie | 12.62 | 36.79 | 25.35 |
| Porphyromonadaceae | 171551 | W Normie | 0.09 | 1.28 | 0.14 |
| Sutterellaceae | 995019 | W Normie | 0.3 | 1.68 | 1.15 |
| Rikenellaceae | 171550 | Niski | 5.37 | 14.22 | 1.58 |
| Akkermansiaceae | 1647988 | Niski | 0.26 | 2.17 | 0 |
| Bifidobacteriaceae | 31953 | Niski | 0.31 | 3.3 | 0.3 |
| Eubacteriaceae | 186806 | Niski | 0.37 | 1.38 | 0.07 |
| Barnesiellaceae | 2005519 | Niski | 0.69 | 2.31 | 0.57 |
| Prevotellaceae | 171552 | W Normie | 0.06 | 5.91 | 4.56 |
| Odoribacteraceae | 1853231 | Niski | 0.49 | 1.66 | 0.46 |
| Acidaminococcaceae | 909930 | Niski | 0.52 | 1.99 | 0.01 |

| | | | | | |
|-----------------------|---------|----------|-------|-------|------|
| Brachyspiraceae | 143786 | Niski | 0.08 | 1.4 | 0 |
| Peptostreptococcaceae | 186804 | W Normie | 0.07 | 0.45 | 0.1 |
| Eggerthellaceae | 1643826 | Wysoki | 0.14 | 0.68 | 2.14 |
| Desulfovibrionaceae | 194924 | W Normie | 0.047 | 0.232 | 0.06 |

Sekcja 6: Lista Gatunków

Bakterie

| Nazwa | Liczba | Procent | Taksonomia |
|-------------------------|--------|---------|---|
| Phocaeicola vulgatus | 2568 | 14.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Bacteroidaceae Genus: Phocaeicola Species: Phocaeicola vulgatus Strain: Phocaeicola vulgatus ATCC 8482 |
| Lactobacillus crispatus | 2180 | 12.0 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Lactobacillaceae Genus: Lactobacillus Species: Lactobacillus crispatus Strain: Lactobacillus crispatus ST1 |
| Bacteroides uniformis | 1171 | 6.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Bacteroidaceae Genus: Bacteroides Species: Bacteroides uniformis |
| Gemmiger formicilis | 1067 | 5.9 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Genus: Gemmiger Species: Gemmiger formicilis |
| Collinsella aerofaciens | 649 | 3.6 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Actinomycetota Class: Coriobacteria Order: Coriobacteriales Family: Coriobacteriaceae Genus: Collinsella Species: Collinsella aerofaciens |
| Blautia faecis | 572 | 3.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Blautia Species: Blautia faecis |
| Prevotella stercorea | 538 | 3.0 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Prevotellaceae Genus: Prevotella Species: Prevotella stercorea |
| Streptococcus vaginalis | 526 | 2.9 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Streptococcaceae Genus: Streptococcus Species: Streptococcus vaginalis |
| | | | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Negativicutes Order: Veillonellales |

| | | | |
|---------------------------------|-----|-----|---|
| Dialister invisus | 409 | 2.2 | Family: Veillonellaceae Genus: Dialister Species: Dialister invisus Strain: Dialister invisus DSM 15470 |
| Blautia obeum | 378 | 2.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Blautia Species: Blautia obeum Strain: Blautia obeum ATCC 29174 |
| Faecalibacterium prausnitzii | 336 | 1.8 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Faecalibacterium Species: Faecalibacterium prausnitzii |
| Bacteroides caccae | 325 | 1.8 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Bacteroidaceae Genus: Bacteroides Species: Bacteroides caccae |
| Ruminococcus bromii | 260 | 1.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Ruminococcus Species: Ruminococcus bromii |
| Parabacteroides distasonis | 250 | 1.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Tannerellaceae Genus: Parabacteroides Species: Parabacteroides distasonis |
| Anaerobutyricum soehngenii | 249 | 1.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Anaerobutyricum Species: Anaerobutyricum soehngenii |
| Slackia isoflavoniconvertens | 238 | 1.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Actinomycetota Class: Coriobacteria Order: Eggerthellales Family: Eggerthellaceae Genus: Slackia Species: Slackia isoflavoniconvertens |
| Bacteroides ovatus | 227 | 1.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Bacteroidaceae Genus: Bacteroides Species: Bacteroides ovatus |
| Faecalibacterium butyricigenans | 218 | 1.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Faecalibacterium Species: Faecalibacterium butyricigenans |
| | | | Superkingdom: Bacteria |

| | | | |
|---------------------------------------|-----|-----|--|
| Sutterella wadsworthensis | 206 | 1.1 | Phylum: Pseudomonadota Class: Betaproteobacteria Order: Burkholderiales Family: Sutterellaceae Genus: Sutterella Species: Sutterella wadsworthensis |
| Agathobaculum butyriciproducens | 204 | 1.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Agathobaculum Species: Agathobaculum butyriciproducens |
| Streptococcus salivarius | 200 | 1.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Streptococcaceae Genus: Streptococcus Species: Streptococcus salivarius |
| Dorea longicatena | 190 | 1.0 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Dorea Species: Dorea longicatena |
| Blautia provencensis | 181 | 1.0 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Blautia Species: Blautia provencensis |
| Fusicatenibacter saccharivorans | 173 | 0.9 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Fusicatenibacter Species: Fusicatenibacter saccharivorans |
| Alistipes putredinis | 154 | 0.8 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Rikenellaceae Genus: Alistipes Species: Alistipes putredinis Strain: Alistipes putredinis DSM 17216 |
| uncultured Oscillospiraceae bacterium | 151 | 0.8 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Species: uncultured Oscillospiraceae bacterium |
| Prevotella disiens | 148 | 0.8 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Prevotellaceae Genus: Prevotella Species: Prevotella disiens |
| Blautia wexlerae | 141 | 0.8 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Blautia Species: Blautia wexlerae Strain: Blautia wexlerae DSM 19850 |

| | | | |
|--------------------------------------|-----|-----|--|
| uncultured Lachnospiraceae bacterium | 128 | 0.7 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Species: uncultured Lachnospiraceae bacterium</p> |
| Roseburia intestinalis | 117 | 0.6 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Roseburia Species: Roseburia intestinalis Strain: Roseburia intestinalis XB6B4</p> |
| Vescimonas fastidiosa | 103 | 0.6 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Vescimonas Species: Vescimonas fastidiosa</p> |
| Blautia intestinalis | 102 | 0.6 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Blautia Species: Blautia intestinalis</p> |
| Barnesiella intestinihominis | 102 | 0.6 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Barnesiellaceae Genus: Barnesiella Species: Barnesiella intestinihominis Strain: Barnesiella intestinihominis YIT 11860</p> |
| Corynebacterium pyruviciproducens | 102 | 0.6 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Actinomycetota Class: Actinomycetes Order: Mycobacteriales Family: Corynebacteriaceae Genus: Corynebacterium Species: Corynebacterium pyruviciproducens Strain: Corynebacterium pyruviciproducens ATCC BAA-1742</p> |
| Prevotella bivia | 96 | 0.5 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Prevotellaceae Genus: Prevotella Species: Prevotella bivia Strain: Prevotella bivia DSM 20514</p> |
| Escherichia coli | 90 | 0.5 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Pseudomonadota Class: Gammaproteobacteria Order: Enterobacterales Family: Enterobacteriaceae Genus: Escherichia Species: Escherichia coli</p> |
| Blautia massiliensis | 83 | 0.5 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Blautia Species: Blautia massiliensis</p> |
| Streptococcus anginosus | 79 | 0.4 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Streptococcaceae Genus: Streptococcus</p> |

| | | | Species group: Streptococcus anginosus group Species: Streptococcus anginosus |
|-------------------------------------|----|-----|---|
| Clostridium fessum | 76 | 0.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Clostridiaceae Genus: Clostridium Species: Clostridium fessum |
| Butyricimonas paravirosa | 75 | 0.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Odoribacteraceae Genus: Butyricimonas Species: Butyricimonas paravirosa |
| Ruminococcus callidus | 73 | 0.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Ruminococcus Species: Ruminococcus callidus |
| Parabacteroides merdae | 73 | 0.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Tannerellaceae Genus: Parabacteroides Species: Parabacteroides merdae |
| Finegoldia magna | 70 | 0.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Tissierellia Order: Tissierellales Family: Peptoniphilaceae Genus: Finegoldia Species: Finegoldia magna |
| Alistipes communis | 68 | 0.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Rikenellaceae Genus: Alistipes Species: Alistipes communis |
| Bacteroides faecis | 65 | 0.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Bacteroidaceae Genus: Bacteroides Species: Bacteroides faecis Strain: Bacteroides faecis MAJ27 |
| uncultured Bacteroidaceae bacterium | 64 | 0.4 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Bacteroidaceae Species: uncultured Bacteroidaceae bacterium |
| Lactobacillus helveticus | 63 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Lactobacillaceae Genus: Lactobacillus Species: Lactobacillus helveticus |
| Blautia luti | 60 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae |

| | | | |
|-----------------------------------|----|-----|--|
| | | | Genus: Blautia Species: Blautia luti Strain: Blautia luti DSM 14534 |
| Phocaeicola massiliensis | 59 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Bacteroidaceae Genus: Phocaeicola Species: Phocaeicola massiliensis |
| Mediterraneibacter faecis | 55 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Mediterraneibacter Species: Mediterraneibacter faecis Strain: [Ruminococcus] faecis JCM 15917 |
| Bifidobacterium longum | 49 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Actinomycetota Class: Actinomycetes Order: Bifidobacteriales Family: Bifidobacteriaceae Genus: Bifidobacterium Species: Bifidobacterium longum Subspecies: Bifidobacterium longum subsp. longum Strain: Bifidobacterium longum subsp. longum F8 |
| Ellagibacter isourolithinifaciens | 48 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Actinomycetota Class: Coriobacteria Order: Eggerthelliales Family: Eggerthellaceae Genus: Ellagibacter Species: Ellagibacter isourolithinifaciens |
| Anaerotignum faecicola | 47 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Anaerotignum Species: Anaerotignum faecicola |
| Enterocloster bolteae | 46 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Enterocloster Species: Enterocloster bolteae |
| Adlercreutzia hattorii | 46 | 0.3 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Actinomycetota Class: Coriobacteria Order: Eggerthelliales Family: Eggerthellaceae Genus: Adlercreutzia Species: Adlercreutzia hattorii |
| Streptococcus vestibularis | 45 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Streptococcaceae Genus: Streptococcus Species: Streptococcus vestibularis |
| Streptococcus thermophilus | 45 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Streptococcaceae Genus: Streptococcus Species: Streptococcus thermophilus Strain: Streptococcus thermophilus JIM 8232 |

| | | | |
|---------------------------------|----|-----|---|
| Lactobacillus jensenii | 45 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Lactobacillaceae Genus: Lactobacillus Species: Lactobacillus jensenii |
| Eggerthella lenta | 42 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Actinomycetota Class: Coriobacteria Order: Eggerthellales Family: Eggerthellaceae Genus: Eggerthella Species: Eggerthella lenta |
| Streptococcus mitis | 42 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Streptococcaceae Genus: Streptococcus Species: Streptococcus mitis |
| Varibaculum cambriense | 41 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Actinomycetota Class: Actinomycetes Order: Actinomycetales Family: Actinomycetaceae Genus: Varibaculum Species: Varibaculum cambriense Strain: Varibaculum cambriense DSM 15806 |
| Anaerostipes hadrus | 41 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Anaerostipes Species: Anaerostipes hadrus |
| Vescimonas coprocola | 40 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Vescimonas Species: Vescimonas coprocola |
| Dialister propionicifaciens | 39 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Negativicutes Order: Veillonellales Family: Veillonellaceae Genus: Dialister Species: Dialister propionicifaciens |
| Butyricoccus faecihominis | 38 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Clostridiaceae Genus: Butyricoccus Species: Butyricoccus faecihominis |
| Lachnospiraceae bacterium GAM79 | 38 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Species: Lachnospiraceae bacterium GAM79 |
| Coprococcus comes | 36 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Coprococcus Species: Coprococcus comes Strain: Coprococcus comes ATCC 27758 |

| | | | |
|-----------------------------------|----|-----|--|
| Peptoniphilus vaginalis | 35 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Tissierellia Order: Tissierellales Family: Peptoniphilaceae Genus: Peptoniphilus Species: Peptoniphilus vaginalis</p> |
| Alistipes senegalensis | 35 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Rikenellaceae Genus: Alistipes Species: Alistipes senegalensis Strain: Alistipes senegalensis JC50</p> |
| Bacteroides kribbi | 34 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Bacteroidaceae Genus: Bacteroides Species: Bacteroides kribbi</p> |
| Subdoligranulum variabile | 34 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Subdoligranulum Species: Subdoligranulum variabile</p> |
| Dysosmobacter welbionis | 33 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Dysosmobacter Species: Dysosmobacter welbionis</p> |
| Anaerococcus vaginalis | 33 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Tissierellia Order: Tissierellales Family: Peptoniphilaceae Genus: Anaerococcus Species: Anaerococcus vaginalis</p> |
| Streptococcus oralis | 33 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Streptococcaceae Genus: Streptococcus Species: Streptococcus oralis Subspecies: Streptococcus oralis subsp. dentisani</p> |
| Clostridiales bacterium CIEAF 021 | 33 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Species: Clostridiales bacterium CIEAF 021</p> |
| Intestinimonas timonensis | 30 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Genus: Intestinimonas Species: Intestinimonas timonensis</p> |
| Enterocloster aldenensis | 30 | 0.2 | <p>Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Enterocloster Species: Enterocloster aldenensis</p> |

| | | | |
|-------------------------------|----|-----|--|
| Marseillibacter massiliensis | 29 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Marseillibacter Species: Marseillibacter massiliensis |
| Clostridium saudiense | 29 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Clostridiaceae Genus: Clostridium Species: Clostridium saudiense |
| Colidextribacter massiliensis | 29 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Genus: Colidextribacter Species: Colidextribacter massiliensis |
| Roseburia faecis | 29 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Roseburia Species: Roseburia faecis |
| Flavonifractor plautii | 28 | 0.2 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Flavonifractor Species: Flavonifractor plautii Strain: Flavonifractor plautii ATCC 29863 |
| Anaerococcus prevotii | 26 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Tissierellia Order: Tissierellales Family: Peptoniphilaceae Genus: Anaerococcus Species: Anaerococcus prevotii Strain: Anaerococcus prevotii DSM 20548 |
| Lachnospira eligens | 24 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Lachnospira Species: Lachnospira eligens Strain: [Eubacterium] eligens ATCC 27750 |
| [Ruminococcus] torques | 23 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Mediterraneibacter Species: [Ruminococcus] torques Strain: [Ruminococcus] torques ATCC 27756 |
| Streptococcus equinus | 22 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Streptococcaceae Genus: Streptococcus Species: Streptococcus equinus Strain: Streptococcus equinus ATCC 9812 |
| Campylobacter ureolyticus | 20 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Campylobacterota Class: Epsilonproteobacteria Order: Campylobacterales Family: Campylobacteraceae |

| | | | |
|-------------------------------|----|-----|---|
| | | | Genus: Campylobacter Species: Campylobacter ureolyticus |
| Negativibacillus massiliensis | 20 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Genus: Negativibacillus Species: Negativibacillus massiliensis |
| Porphyromonas somerae | 19 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Porphyromonadaceae Genus: Porphyromonas Species: Porphyromonas somerae Strain: Porphyromonas somerae DSM 23386 |
| [Ruminococcus] gnavus | 19 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Lachnospiraceae Genus: Mediterraneibacter Species: [Ruminococcus] gnavus |
| Faecalibacterium longum | 19 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Faecalibacterium Species: Faecalibacterium longum |
| Hungatella xylanolytica | 19 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Clostridiaceae Genus: Hungatella Species: Hungatella xylanolytica |
| Alistipes shahii | 17 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Rikenellaceae Genus: Alistipes Species: Alistipes shahii |
| Ektepia gabavorous | 17 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Genus: Ektepia Species: Ektepia gabavorous |
| Anaerotruncus colihominis | 17 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Family: Oscillospiraceae Genus: Anaerotruncus Species: Anaerotruncus colihominis Strain: Anaerotruncus colihominis DSM 17241 |
| Haemophilus parainfluenzae | 16 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Pseudomonadota Class: Gammaproteobacteria Order: Pasteurellales Family: Pasteurellaceae Genus: Haemophilus Species: Haemophilus parainfluenzae |
| Hoyleseella timonensis | 16 | 0.1 | Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Class: Bacteroidia Order: Bacteroidales Family: Prevotellaceae Genus: Hoyleseella Species: Hoyleseella timonensis |

| | | | |
|------------------------------------|-----|-----|--|
| Lactobacillus ultunensis | 15 | 0.1 | <ul style="list-style-type: none"> Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Bacilli Order: Lactobacillales Family: Lactobacillaceae Genus: Lactobacillus Species: Lactobacillus ultunensis Strain: Lactobacillus ultunensis DSM 16047 |
| uncultured Bacteroidetes bacterium | 15 | 0.1 | <ul style="list-style-type: none"> Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacteroidota Species: uncultured Bacteroidetes bacterium |
| Gemmiger gallinarum | 14 | 0.1 | <ul style="list-style-type: none"> Superkingdom: Bacteria Phylum: Bacillota Class: Clostridia Order: Eubacteriales Genus: Gemmiger Species: Gemmiger gallinarum |
| Inne | 970 | 5.3 | |

Organizmy Eukariotyczne

| Nazwa | Liczba | Procent | Taksonomia |
|----------------------------|--------|---------|--|
| Homo sapiens | 1033 | 94.2 | <ul style="list-style-type: none"> Superkingdom: Eukaryota Kingdom: Metazoa Phylum: Chordata Subphylum: Craniata Superclass: Sarcopterygii Class: Mammalia Superorder: Euarchontoglires Order: Primates Suborder: Haplorrhini Infraorder: Simiiformes Parvorder: Catarrhini Superfamily: Hominoidea Family: Hominidae Subfamily: Homininae Genus: Homo Species: Homo sapiens |
| Laetiporus sulphureus | 34 | 3.1 | <ul style="list-style-type: none"> Superkingdom: Eukaryota Kingdom: Fungi Subkingdom: Dikarya Phylum: Basidiomycota Subphylum: Agaricomycotina Class: Agaricomycetes Order: Polyporales Family: Laetiporaceae Genus: Laetiporus Species: Laetiporus sulphureus |
| Scopulariopsis brevicaulis | 10 | 0.9 | <ul style="list-style-type: none"> Superkingdom: Eukaryota Kingdom: Fungi Subkingdom: Dikarya Phylum: Ascomycota Subphylum: Pezizomycotina Class: Sordariomycetes Subclass: Hypocreomycetidae Order: Microascales Family: Microasaceae Genus: Scopulariopsis Species: Scopulariopsis brevicaulis |
| Saccharomyces cerevisiae | 6 | 0.5 | <ul style="list-style-type: none"> Superkingdom: Eukaryota Kingdom: Fungi Subkingdom: Dikarya Phylum: Ascomycota Subphylum: Saccharomycotina Class: Saccharomycetes Order: Saccharomycetales Family: Saccharomycetaceae Genus: Saccharomyces Species: Saccharomyces cerevisiae |

| | | | |
|-------------------|----|-----|--|
| Circinella muscae | 4 | 0.4 | Superkingdom: Eukaryota Kingdom: Fungi Phylum: Mucoromycota Subphylum: Mucoromycotina Class: Mucoromycetes Order: Mucorales Family: Lichtheimiaceae Genus: Circinella Species: Circinella muscae |
| Inne | 10 | 0.9 | |

Sekcja 7: SPARK - biomSCAN. Podsumowanie do raportu

LABORATORIUM:

SPARK-TECH DIAGNOSTYKA
Ul. Lelewela 14/1-2
31-108
Kraków
Tel. 572260126/12-3110032

KIEROWNIK LABORATORIUM:

Dr n. med., mgr biol.
Mateusz Adamski
specjalista neurolog

Właściwa interpretacja wyniku oraz dodatkowe zalecenia są możliwe jedynie w połączeniu z dokładną oceną kliniczną Pacjenta/Pacjentki oraz staranną analizą wywiadu medycznego. Może być konieczna konsultacja lekarska. Jeśli jest Pani/ Pan zainteresowana/zainteresowany wyżej wymienionymi usługami prosimy o kontakt z naszym zespołem w celu uzupełnienia ankiety WYWIAD MEDYCZNY i otrzymania dodatkowej interpretacji wyniku oraz zaleceń dotyczących diety, suplementacji, stylu życia, probiotykoterapii i/lub lekarskich konsultacji specjalistycznych. Dodatkowe informacje znajdują się na stronie internetowej zbadajmikrobiom.spark-tech-lab.com.

METODA BADANIA

1. **Platforma Oxford Nanopore:** metoda wykorzystuje połączenie technologii amplifikacji PCR i sekwencjonowania 'long reads'.
2. **Autorskie Primery:** własne sondy molekularne (primery) rozpoznające ponad 50 000 gatunków.
3. **Wysoka Jakość Sekwencjonowania:** Średni Q-score (współczynnik jakości sekwencjonowania) wynosi 17,5 co oznacza błąd sekwencjonowania na poziomie mniejszym niż 0.02%.
4. **Czułość i Specyficzność Testu:** Test charakteryzuje się wysoką czułością i specyficznością, co gwarantuje dokładne i wiarygodne wyniki, nawet przy niskich poziomach obecności mikroorganizmów.
5. **Algorytmy Bioinformatyczne na Bazie BLAST:** Test opiera się na algorytmach bioinformatycznych wykorzystujących najdokładniejszy model analizy BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).
6. **Referencyjne Bazy Danych Sekwencji:** test wykorzystuje sekwencje referencyjne z renomowanych baz danych: NCBI (National Center for Biotechnology Information), SILVA (comprehensive database of quality checked and aligned ribosomal RNA sequence data), oraz PR2 (Protist Ribosomal Reference database).
7. **Precyzja Wyników:** Minimalna zgodność sekwencji z sekwencjami referencyjnymi wynosi 95%, oznacza to, że na każde 1000 nukleotydów, minimum 950 jest identyczne z wzorcem.

Wynik zatwierdził:

Mgr. Karina Piotrowska
Diagnosta Laboratoryjny
Nr 17330



SPARK TECH Sp. z o.o.
spark-tech-lab.com