



ИССЛЕДОВАНИЕ МИКРОБИОМА С ПОМОЩЬЮ ГЛУБОКОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ДНК

ИНФОРМАЦИЯ О ПАЦИЕНТЕ

ФАМИЛИЯ

ИМЯ

ОТЧЕСТВО

ДАТА РОЖДЕНИЯ

ПОЛ

НАПРАВЛЯЮЩЕЕ УЧРЕЖДЕНИЕ/ВРАЧ

ОБРАЗЕЦ №

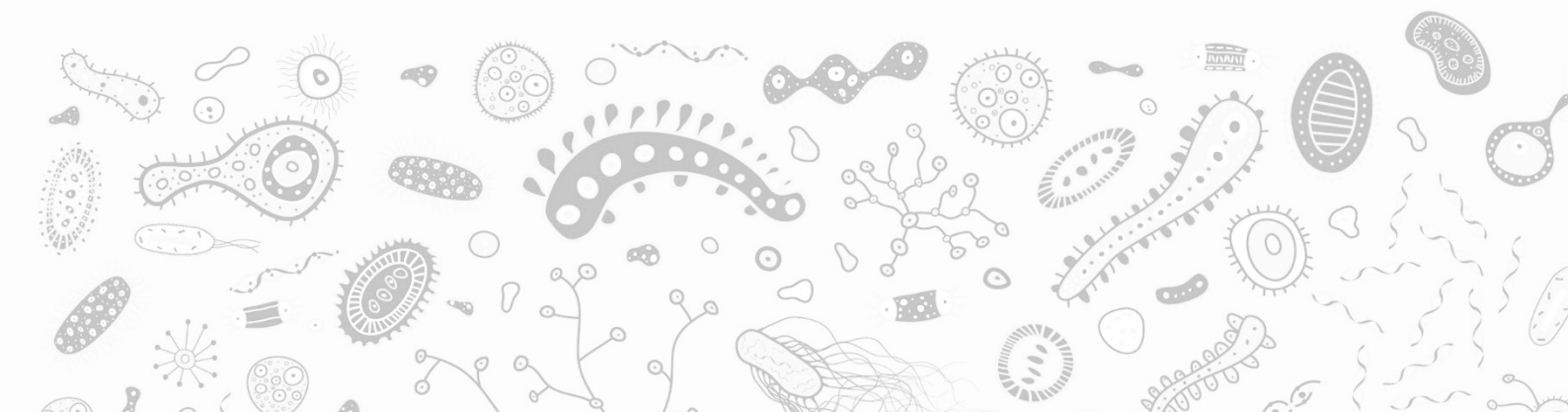
MGG1237

ДАТА ВЫДАЧИ РЕЗУЛЬТАТА

ООО «СЕРБАЛАБ»

Лицензия ЛО-78-01-007244
г. Санкт-Петербург, Большой пр-т ВО,
90, к 2, лит 3

info@cerbalab.ru |
www.cerbalab.ru
+7 (812) 602 93 38



ОГЛАВЛЕНИЕ

МЕТОД ИССЛЕДОВАНИЯ	3
NGS-секвенирование гена 16S рРНК.....	3
ОБЩАЯ ИНФОРМАЦИЯ	3
Биоразнообразие	4
ПАТОГЕНЫ	6
ПАТОГЕННАЯ НАГРУЗКА	7
ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ БАКТЕРИИ	9
ПОТЕНЦИАЛ МИКРОБИОТЫ К МЕТАБОЛИЗМУ	14
НАРУШЕНИЕ ОБМЕНА ВЕЩЕСТВ	14
ВОСПАЛЕНИЕ	15
ВЫВОДЫ:	16
Дополнение.....	17
Рекомендации:	21
Дополнительная информация	22
АНАЛИЗ ПРОВОДИЛИ:	24
СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ТИПОВ	25
СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ	25
СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ	28

МЕТОД ИССЛЕДОВАНИЯ

NGS-секвенирование гена 16S рРНК

Для изучения микроорганизмов используется технология метагеномного ДНК-секвенирования, которая позволяет "посчитать" сотни видов бактерий, в том числе и некультивируемых.

Из образцов выделяется ген — 16S рРНК, уникальный и высококонсервативный участок нуклеотидной цепи всех бактерий, по которому принято идентифицировать бактерии.

Данный метод считается «золотым стандартом» для максимально полного анализа состава микробиоты. В итоге мы получаем подробный «портрет» обитателей кишечника человека. Это позволяет узнать:

- какие бактерии и в каком % соотношении представлены в вашем кишечнике;
- как микроорганизмы влияют на ваше здоровье и организм в целом;
- какую патогенетическую роль играют бактерии в развитии различных заболеваний.

ОБЩАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Микробиом кишечника играет ключевую роль в вашем здоровье и влияет на многие аспекты повседневной жизни: переваривание пищи, поддержание здорового метаболизма и оптимального веса тела, регуляция иммунной, эндокринной и нервной системы, защита от патогенных микроорганизмов.

Микробиом человека – это совокупность геномов микроорганизмов, населяющих конкретную среду обитания. Выделяют несколько основных локализаций в организме человека: ЖКТ, носоглотка, легкие; кожа, мочеполовая система, лимфатическая система.

Около 70 % всех микроорганизмов, населяющих организм человека, обитают в толстой кишке. Микробиом кишечника — это самая крупная микробная экосистема в организме. Мы являемся носителями от 3 до 20 млн. генов бактерий, что в сотни раз больше набора генов человека. Поэтому микробиом сегодня называют **«ВТОРЫМ ГЕНОМОМ»**.

Оставаясь невидимой, микробиота может достигать веса от 2 до 5 килограммов и насчитывает порядка 10 в 14 клеток микроорганизмов. Количество дружественных видов бактерий, обитающих в человеке, гораздо больше числа всех известных инфекций. Состав микробиома индивидуален как отпечаток пальцев.

Развитие кишечного микробиома начинается внутриутробно, через микробную передачу от матери к плоду. Колонизация кишечника ребенка продолжается после рождения и модулируется такими факторами, как способ родоразрешения (естественный или кесарево сечение), диета (кормление грудью или детское питание), гигиена и воздействие антибиотиков. Первые 1000 дней жизни, когда у ребенка развивается кишечный микробиом, считаются очень важными, так как ранний кишечный микробиом необходим для иммунного,

метаболического и кишечного развития. Микробиота кишечника ребенка достигает характеристик взрослой микробиоты в возрасте от 2 до 5 лет.

Рождение естественным путем и грудное вскармливание формирует видовой костяк микробиоты, который обычно сохраняется на всю жизнь и формирует здоровье человека. Дальнейшее обогащение другими видами зависит в основном от образа жизни и питания, а также других факторов, таких как применение лекарственных препаратов, длительный латентный стресс, низкая физическая активность, хроническая интоксикация.

ОБЩИЙ СОСТАВ МИКРОБИОМА

Биоразнообразие

Наличие большого разнообразия бактерий в вашем кишечном микробиоме является показателем здоровья. Люди с хорошим здоровьем, как правило, имеют высокий уровень микробного разнообразия в их кишечнике, но нет конкретной комбинации микроорганизмов, которая идеально подходит для всех. У каждого из нас есть свой уникальный состав микробов, который также зависит от генетики носителя.

Биоразнообразие является ключевым признаком стабильности. Внешние факторы, такие как инфекции, плохое питание, антибиотики, длительный стресс могут привести к исчезновению одного или нескольких ключевых родов и видов. Если у вас высокое биоразнообразие, то включаются механизмы регуляции и компенсации, другие роды и виды возьмут на себя функции обедневших или исчезнувших бактерий. Ключевые функции микробиома не страдают.

У пациентов с воспалительными заболеваниями кишечника (ВЗК) и метаболическими нарушениями бактериальное разнообразие меньше, чем у здоровых. Так же с возрастом биоразнообразие падает, поэтому данный показатель сегодня является оценкой вашего биологического возраста.

ИНДЕКС БИОРАЗНООБРАЗИЯ По Шеннону	Оптимальный	Ваш вариант	
	3,1 – 4,2	2,01	Низкий



СУЩЕСТВУЕТ НЕСКОЛЬКО ПРИЧИН СНИЖЕНИЯ МИКРОБНОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ИЗМЕНЕНИЯ СОСТАВА МИКРОБИОМА:

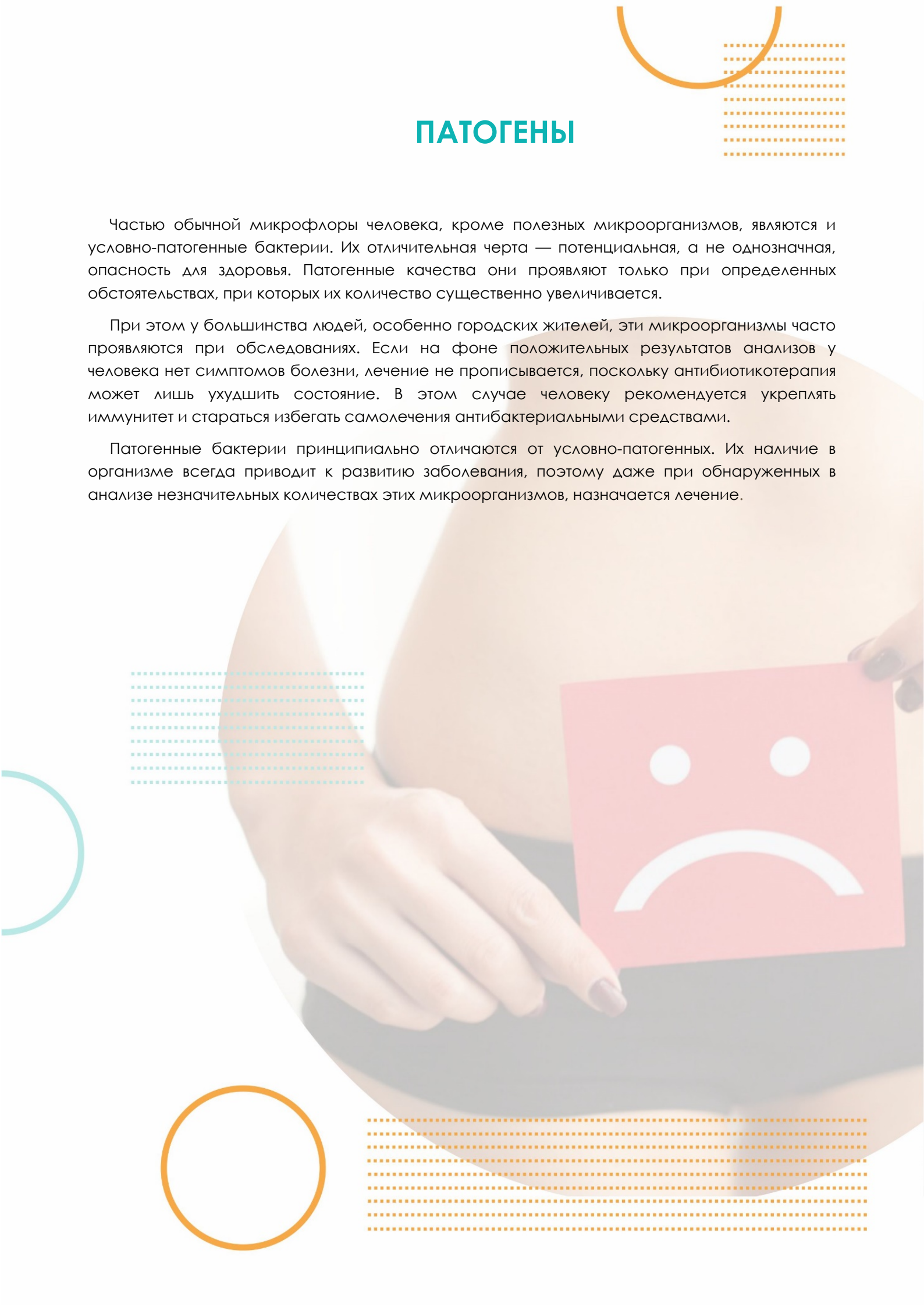
- **Западный тип диеты** с большим содержанием жиров, простых сахаров, консервантов и низким содержанием растительной клетчатки, а также однообразное питание
- **Бесконтрольное использование антибиотиков**, которые резко снижают популяции наших полезных (пробиотических) бактерий, вплоть до полного исчезновения некоторых ключевых родов
- **Длительный прием ингибиторов протонной помпы (ИПП), нестероидных противовоспалительных препаратов (НПВП), оральных контрацептивов (КОК)**
- **Низкая физическая активность**, малоподвижный образ жизни. Известно, что физические упражнения способствуют усилению синтеза Ацетил Ко-А - предшественника для образования масляной кислоты-важнейшего метаболита полезных бактерий
- **Длительный латентный стресс**. Происходит активация Оси Гипоталамус-Гипофиз-Надпочечники. При стрессе нарушается барьерная функция кишечника на фоне повышения глюкокортикоидов.
- **Воздействие токсических веществ** окружающей среды: бисфенол-А, пестициды, хлор, гербицид-глифосат (RoundUp)
- **Полиморфизм некоторых генов** связан с формированием микробиома и, таким образом, являются одним из ключевых факторов, влияющих на индивидуальные вариации кишечной микробиоты человека.

ПАТОГЕНЫ

Частью обычной микрофлоры человека, кроме полезных микроорганизмов, являются и условно-патогенные бактерии. Их отличительная черта — потенциальная, а не однозначная, опасность для здоровья. Патогенные качества они проявляют только при определенных обстоятельствах, при которых их количество существенно увеличивается.

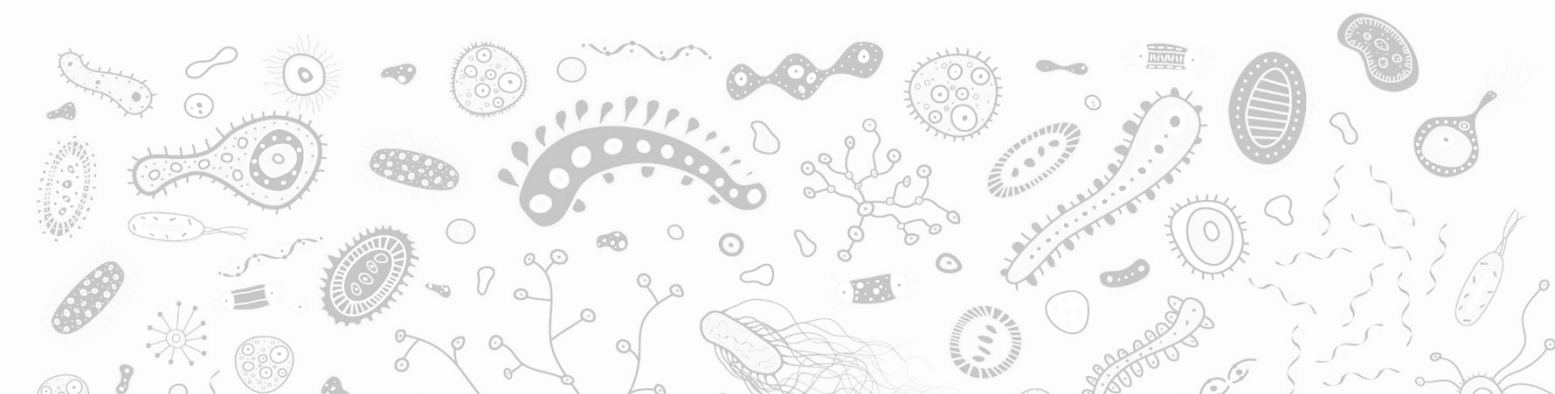
При этом у большинства людей, особенно городских жителей, эти микроорганизмы часто проявляются при обследованиях. Если на фоне положительных результатов анализов у человека нет симптомов болезни, лечение не прописывается, поскольку антибиотикотерапия может лишь ухудшить состояние. В этом случае человеку рекомендуется укреплять иммунитет и стараться избегать самолечения антибактериальными средствами.

Патогенные бактерии принципиально отличаются от условно-патогенных. Их наличие в организме всегда приводит к развитию заболевания, поэтому даже при обнаруженных в анализе незначительных количествах этих микроорганизмов, назначается лечение.



ПАТОГЕННАЯ НАГРУЗКА

Классификация	Среднее значение в популяции здоровых людей %	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
<u>Escherichia/Shigella</u>	0,002-0,10	0,051323	Низкое значение
Salmonella	0	0	Отсутствие рода
Klebsiella	0 -0,03	0	Отсутствие рода
Campylobacter	0 -0,02	0	Отсутствие рода
Enterobacter	0 -0,02	0	Отсутствие рода
Citrobacter	0-0,02	0	Отсутствие рода
Pseudomonas	0-0,02	0	Отсутствие рода
Yersinia	0-0,02	0	Отсутствие рода
Vibrio	0-0,02	0	Отсутствие рода
Clostridioides	0-0,02	0	Отсутствие рода
Eggerthella	0-0	0	Отсутствие рода
Enterococcus	0-0,02	0	Отсутствие рода
Sphingomonas	0-0,02	0	Отсутствие рода
Fusobacterium	0-0,02	0	Отсутствие рода
Staphylococcus	0-0,02	0	Отсутствие рода
Proteus	0-0,02	0	Отсутствие рода



Следует помнить, что даже при обнаружении условно-патогенных штаммов без клинической картины и симптомом инфекции не требуется назначения антибиотикотерапии, в некоторых случаях рекомендован прием пробиотических препаратов и улучшение микробиоценоза кишечника за счет питания и образа жизни.

Пробиотические бактерии проявляют свое действие за счет следующих механизмов:

- Непосредственная конкуренция с патогенами за основные питательные вещества и рецепторы адгезии, создание колонизационной резистентности.
- Прямой антагонизм через естественную экскрецию противомикробных препаратов.
- Снижение pH до уровня, при котором патогены не могут эффективно конкурировать.

Применение антибиотиков в крайней необходимости и строго по назначению врача.

Бесконтрольное использование антибиотиков может привести к резкому снижению и потере основных родов филонетаболического ядра, потере важнейших функций микробиома, в частности выработка противовоспалительных, противоонкологических и энергетических метаболитов, резкому снижению иммуномодулирующей функции микробиоты. Следствием такого дисбаланса является высокий риск возникновению аутоиммунных заболеваний, аллергий, появление антибиотико-резистентных штаммов бактерий и ещё большей патогенной нагрузки. Некоторые роды полезных бактерий могут исчезнуть навсегда, восстановить их будет невозможно.

У здоровых молодых людей микрофлора кишечника восстанавливается в среднем в течение 6 месяцев после приема антибиотиков. После некоторых антибиотиков микробиом восстанавливается в течение 1 года и более. Идет постепенное заселение бактериями. Однако первыми восстанавливаются патогенные бактерии с наиболее устойчивыми генами к антибиотикам. «Лидерами» по скорости восстановления являются бактерии с болезнетворными свойствами, что объясняет расстройства желудочно-кишечного тракта после приема лекарств. Некоторые полезные бактериальные виды исчезают полностью, под воздействием лекарств. Их невозможно обнаружить даже спустя 180 дней.

Кишечный микробиом обладает способностью сохранять «память» о предшествующих стрессах. Введение антибиотиков в раннем детском возрасте может в последующем привести к развитию болезни Крона, астмы и ожирения.

ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ БАКТЕРИИ

Бактерия	Среднее значение в популяции %	Функциональное значение	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
Бутират-продуцирующие бактерии				
Roseburia	0,5-3,5	-контроль воспалительных процессов -поддержка кишечного барьера -иммуномодулирующая функция -противоопухолевая защита	1,847643	Среднее значение
Faecalibacterium	6-15	- контроль воспалительных процессов -поддержка кишечного барьера -иммуномодулирующая функция -противоопухолевая защита -способна расщеплять сложные углеводы, например пектин -резко снижена у пациентов с ВЗК, болезнью Крона, метаболическим синдромом, после антибиотиков и перенесённого COVID-19	10,499303	Среднее значение
Eubacterium	0-0,5	- синтез масляной кислоты - синтез витамина B12 - синтез реутерина (антимикробное в-во)	0	Отсутствует или крайне низкое значение
Coprococcus	0,05-3,5	- производство масляной кислоты -высокое содержание ассоциировано с низким индексом массы тела и высоким разнообразием микробиоты.	1,796319	Среднее значение
Anaerostipes	0,10-1	- синтез масляной кислоты	0,421585	Среднее значение
Subdoligranulum	0,10-0,30	- синтез масляной кислоты	4,36249	Высокое значение
Butyricimonas	0,04-0,2	- синтез масляной кислоты	0,109979	Среднее значение
Butyrivibrio	0,1-1,5	- синтез масляной кислоты	0	Отсутствует или крайне низкое значение
Butyricoccus	0,4-0,8	- синтез масляной кислоты	0	Отсутствует или крайне низкое значение
Flavonifractor	0,01-0,1	- синтез масляной кислоты	0	Отсутствует или крайне низкое значение
Odoribacter	0,01-0,08	- синтез масляной кислоты	0,087983	Среднее значение

Бактерии, производители ацетата и пропионата

Alistipes	0,5-3	<p>- производит ацетат, сукцинат, ГАМК</p> <p>Высокие значения ассоциированы с диетой с большим содержанием красного мяса и малым кол-вом растительной клетчатки и связаны с плохим здоровьем кишечника и способствуют воспалению. Также снижают биодоступность серотонина, ассоциированы с синдромом хронической усталости и депрессивными расстройствами,</p> <p>- Низкие значения ассоциированы с патологиями печени.</p>	0,260283	Низкое значение
Bacteroides	9-20	<p>Высокое значение рода может быть связано с «западной диетой», содержащей много мясных продуктов, животных жиров и сахара и мало клетчатки. Некоторые виды бактерий ассоциированы с плохим здоровьем кишечника. Данные бактерии кроме сукцината и КЖЦК, способны к выработке аминокислот с разветвленной цепью, которые могут быть связаны с метаболическими нарушениями</p>	10,08505	Среднее значение
Dorea	0,2-1	<p>- производит ацетат и газы</p> <p>Повышенные значения ассоциированы с метаболическими нарушениями, с синдромом раздраженного кишечника и колита. Обычно эти газы «перехватывают» бактерии рода <i>Blautia</i>, которые производят ацетат, поэтому 2 бактерии обычно встречаются вместе.</p>	1,345407	Повышенное значение
Blautia	0,2-1	<p>- производит ацетат</p> <p>расщепляет сложные углеводы</p> <p>Высокие значения некоторых видов были ассоциированы с нарушением метаболизма глюкозы.</p>	0,623213	Среднее значение
Prevotella	0-5	<p>-встречается в незападных популяциях и связан с диетой с минимально обработанной пищей с высоким содержанием клетчатки, -нормализует обмен глюкозы, -защищает от колоректального рака. Некоторые виды Превотеллы могут</p>	27,150084	Высокое значение

		<p>использовать в качестве источников топлива и клетчатку, и белок. В зависимости от вашей диеты и образа жизни, они будут выделять или полезные или вредные метаболиты.</p> <p>Повышенные значения данного рода на западной диете могут быть связаны с риском инсулинорезистентности, диабетического риска и ревматоидного артрита.</p>		
Ruminococcus	1-6	<p>-отвечают за расщепление резистентного крахмала, бобовых, а также способствуют выделению ацетата. Некоторые представители данного рода могут способствовать развитию воспалительных заболеваний кишечника при неблагоприятных условиях</p>	2,184911	Среднее значение
Phascolarctobacterium	0,05-3	<p>Данный род играет важную роль в микробиоме здоровых людей, связан с метаболическим состоянием и настроением хозяина. Он почти не использует углеводы для роста и вместо этого использует сукцинат в качестве субстрата, для этого вступает в симбиоз с некоторыми бактериями кишечника, которые производят сукцинат из пищевых волокон ксиланов</p> <p>Высокое значение данного рода связано с ухудшением метаболических параметров и может быть связано с диетой с высоким содержанием насыщенных жиров.</p> <p>Являются типичными липолитическими бактериями. Непереваренные в тонкой кишке жиры, в основном насыщенные жиры, могут действовать как источник питания для бактерий.</p> <p>Повышенное содержание остаточного жира в пищеварительном тракте может способствовать размножению данных бактерий.</p>	3,478994	Повышенное значение

Сульфат редуцирующие бактерии				
<i>Bilophila</i>	0-0,30	<p>-фактор риска воспаления</p> <p>-расщепляет таурин, серосодержащие соединения из пищи и производит газообразный сероводород-цитотоксичное вещество. Количество данной бактерии увеличивается на диетах на основе животных и с большим количеством насыщенных жиров.</p> <p>Повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот и изменению метаболического профиля.</p>	0,087983	Среднее значение
<i>Desulfovibrio</i>	0-0,30	<p>-фактор риска воспаления, производит цитотоксичный сероводород, ассоциируется с несколькими клиническими состояниями, такими как воспалительные заболевания кишечника и невоспалительные заболевания кишечника.</p> <p>Повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот и изменению метаболического профиля</p>	0	Отсутствует или крайне низкое значение
Бактерии, продуценты молочной кислоты				
<i>Lactococcus</i>	<0,02	<p>-противовоспалительная</p> <p>-иммуномодулирующая</p>	0,285945	Высокое значение
<i>Lactobacillus</i>	<0,02	<p>-противовоспалительная</p> <p>-иммуномодулирующая</p> <p>- метаболизм глютена</p> <p>-метаболизм лактозы</p>	0	Отсутствует данный род или крайне низкое значения
<i>Bifidobacterium</i>	0,10-1,5	<p>-сдерживание роста патогенов</p> <p>-синтез аминокислот, витаминов группы В</p> <p>-превращают лактозу в молочную кислоту</p> <p>-активируют синтез иммуноглобулинов</p> <p>-снижают риск аллергии</p> <p>-контроль воспаления</p> <p>-усиление всасывания витамина D</p> <p>- метаболизм глютена</p> <p>-метаболизм лактозы</p>	3,797932	Высокое значение

Бактерии с уникальными свойствами				
<i>Oxalobacter</i>	< 0,02	-разрушает оксалаты -снижает абсорбцию оксалатов в просвете толстой кишки -предотвращает гипероксалурию -снижает риск образования оксалатных камней в почках	0	Отсутствует данный род или крайне низкое значения
<i>Adlercreutzia</i>	<0,02	-преобразовывают пищевые изофлавоны в эквол, антиканцерогенное вещество. Примеры таких изофлавонов — дайдзеин и генистеин, которые содержатся в соевых продуктах	0	Отсутствует данный род или крайне низкое значения
<i>Barnesiella</i>	0.04 - 0.32	-препятствуют колонизации кишечника патогенными внутрибольничными бактериями -повышает эффективность иммуномодулирующей терапии при некоторых видах рака	0,454579	Повышенное значение
Бактерии, показатели здорового метаболизма				
<i>Akkermansia</i>	0-2	-поддерживает слизистый барьер кишечника -улучшает гомеостаз глюкозы, липидов крови Повышается при голодании, нарушении целостности кишечного барьера, приеме метформина и некоторых нейродегенеративных заболеваниях	0,080651	Сниженное значение
<i>Christensenella</i>	<0.02	-высоконаследуемая бактерия препятствует развитию метаболических нарушений -положительно коррелирует со здоровым липидным профилем и метаболизмом глюкозы -отрицательно коррелирует с массой тела -	0	Отсутствует или крайне низкое значение бактерии
<i>Oscillospira</i>	<1	-перерабатывают сложные полисахариды -способны к выработке бутирата, снижая уровень воспаления.	0,007332	Среднее значение

ПОТЕНЦИАЛ МИКРОБИОТЫ К МЕТАБОЛИЗМУ

Бактерия	Среднее значение в популяции %	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
Бактерии, ферментирующие глютен			
<i>Bifidobacterium</i>	0,10-1,5	3,797932	Высокое значение
<i>Lactobacillus</i>	Менее 0,02	0	Отсутствует данный род или крайне низкое значение
Бактерии, ферментирующие лактозу (молочный сахар)			
<i>Faecalibacterium</i>	6-15	10,499303	Среднее значение
<i>Roseburia</i>	0,5-3,5	1,847643	Среднее значение
<i>Bifidobacterium</i>	0,10-1,5	3,797932	Высокое значение
<i>Lactobacillus</i>	Менее 0,02	0	Отсутствие или крайне низкое значение
<i>Collinsella</i>	0,05-0,5	1,602024	Повышенное значение
<i>Slackia</i>	0-0,5	0,322604	Среднее значение

НАРУШЕНИЕ ОБМЕНА ВЕЩЕСТВ

Бактерия	Среднее значение в популяции %	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
Бактерии, ассоциированные с ожирением			
<i>Roseburia</i>	0,5-3,5	1,847643	Среднее значение
<i>Faecalibacterium</i>	6-15	10,499303	Среднее значение
<i>Papillibacter</i>	0,01-0,5	0	Отсутствует род
<i>Methanobrevibacter</i>	0-0,2	0	Отсутствует род
<i>Alistipes</i>	0,1-3	0,260283	Среднее значение
<i>Collinsella</i>	0,05-0,5	1,602024	Повышенное значение
<i>Acidaminococcus</i>	0-0,05	0	Отсутствует род
<i>Dorea</i>	0,2-1	1,345407	Повышенное значение
<i>Holdemanella</i>	0-0,3	0	Отсутствует или крайне низкое значение
Бактерии, ассоциированные с Сахарным диабетом 2 типа			
<i>Faecalibacterium</i>	6-15	10,499303	Среднее значение
<i>Roseburia</i>	0,5-3,5	1,847643	Среднее значение
<i>Akkermansia</i>	0,02-2	0,080651	Сниженное значение
<i>Erysipelotrichaceae UGG-003</i>	0,3-1	1,891634	Повышенное значение
<i>Victivallis</i>	0 – 0,01	0	Отсутствует или крайне низкое значение
<i>Blautia</i>	0,2-1	0,623213	Среднее значение
<i>Rothia</i>	0-0,03	0	Отсутствует или крайне низкое значение

Бактерии, ассоциированные с неалкогольной жировой болезнью печени			
<i>Escherichia/Shigella</i>	0,001-0,1	0,051323	Низкое значение
<i>Streptococcus</i>	0,001-0,05	0,414253	Повышенное значение
<i>Alistipes</i>	1-3	0,260283	Низкое значение
<i>Flavonifractor</i>	0,1-1,1	0	Отсутствие или крайне низкие значения
<i>Odoribacter</i>	0,6-1,2	0,087983	Низкое значение
<i>Oscillibacter</i>	0,5-1	0,007332	Низкое значение

ВОСПАЛЕНИЕ

Бактерия	Среднее значение в популяции %	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
Бактерии, ассоциирование с Язвенным Колитом (НЯК)			
<i>Faecalibacterium</i>	6-15	10,499303	Среднее значение
<i>Roseburia</i>	0,5-3,5	1,847643	Среднее значение
<i>Agathobacter</i>	0,7-2	3,643962	Повышенное значение
<i>Anaerostipes</i>	0,5-2	0,421585	Низкое значение
<i>Akkermansia</i>	0,02-3	0,080651	Сниженное значение
<i>Phascolarctobacterium</i>	0,08-3	3,478994	Повышенное значение
<i>Corynebacterium</i>	0-0,02	0	Отсутствие или крайне низкие значения
<i>Bifidobacterium</i>	0,5-1,5	3,797932	Высокое значение
<i>Dorea</i>	0,2-1	1,345407	Повышенное значение
<i>Acidaminococcus</i>	0-0,5	0	Оптимальное значение данного рода
Бактерии, ассоциированные с Болезнь Крона (БК)			
<i>Faecalibacterium</i>	6-15	10,499303	Среднее значение
<i>Roseburia</i>	0,5-3,5	1,847643	Среднее значение
<i>Anaerostipes</i>	0,5-2	0,421585	Низкое значение
<i>Oscillospira</i>	0,01-2	0,007332	Низкое значение
<i>Corynebacterium</i>	0-0,02	0	Отсутствие рода
<i>Fusobacterium</i>	0-0,2	0	Отсутствие рода
<i>Escherichia/Shigella</i>	0,001-0,10	0,051323	Низкое значение
<i>Sutterella</i>	0-1,5	0,289611	Среднее значение
<i>Actinomyces</i>	0-0,05	0	Отсутствие рода

ВЫВОДЫ:

Бактерия	Высокое значение	Среднее значение	Низкое значение	Отсутствие или крайне низкое	Комментарий
Бактериальные композиции					
Патогенная нагрузка			+		
Бутират-продуцирующие бактерии		+			
Бактерии продуцирующие пропионат и ацетат		+			
Сульфат редуцирующие бактерии		+			
Бактерии, продуценты молочной кислоты		+			
Бактерии, показатели здорового метаболизма		+			
Бактерии, ферментирующие глютен		+			
Бактерии, ферментирующие лактозу (молочный сахар)		+			
Риски развития патологических состояний ¹					
Кишечной инфекции			+		
Синдром повышенной кишечной проницаемости			+		
Метаболический синдром		+			
Сахарный диабет 2 типа			+		
Неалкогольная жировая болезнь печени			+		
Нарушения липидного обмена			+		
Провоспалительный потенциал			+		
Язвенная болезнь (НЯК)			+		
Болезнь Крона			+		
Синдром раздраженного кишечника			+		
Синдром хронической усталости			+		

¹ Расчет рисков был проведен только на основании исследование микробиома и полученных анкетных данных, без учета клинических проявлений и медицинских данных. Патологические проявления и риски заболеваний могут быть связаны с другими факторами, помимо кишечного микробиома. Необходимо проконсультироваться с врачом.

Повышенной тревожности/Депрессивных расстройств			+		
Заболевания почек			+		

Дополнение

1. **Отсутствует патогенная нагрузка.**
2. Выявлен **Streptococcus (0,41%)** в относительно повышенном значении, в данный род входят как пробиотические виды, такие как *S.thermophilus*, которые используются для приготовления молочно - кислой продукции, так и условно-патогенные виды, которые способны вызывать различные заболевания. Стоит учитывать, что при отсутствии клинической картины, наличие данных микроорганизмов может говорить о носительстве или о перенесенной инфекции.
3. Среднее значение **Faecalibacterium (10,5%)**. Данная бактерия является важным членом микробиома кишечника человека, производит бутират - противовоспалительный, иммуномодулирующий, энергетический метаболит наших полезных бактерий. Данная бактерия связана со здоровьем кишечника и защищенностью от воспалительных процессов. Одна из бактерий, которая способна расщеплять пектин. *Faecalibacterium* использует различные углеводы, в том числе пребиотический инулин, яблочный пектин и некоторые источники углерода хозяина, такие как d- глюкозамин и N- ацетил- d- глюкозамин.
4. Отмечается среднее значение **Roseburia (1,85%)**. Данная бактерия в основном производит бутират. Бутират является основным источником энергии для клеток, выстилающих кишечник, обладает противовоспалительными свойствами и имеет важное значение для здоровья кишечника. Представители данного рода регулируют иммунную систему и помогают уменьшить воспаление. Данная бактерия увеличивается, когда в рационе присутствуют: полифенолы, пищевые маннаны, арабиноксиланы, эти вещества содержатся в орехах, кокосах, бобовых, томатах, злаковых и др. хитин-глюкановый комплекс.
5. Среднее значение рода **Akkermansia (0,08%)**, которая ассоциируется со здоровым метаболическим статусом и здоровым слизистым барьером кишечника. Необходимо повысить уровень бактерии за счет источников питания данной бактерии.

6. **Bifidobacterium в высоком значении (3,8%).** Несмотря на полезные свойства данного рода, повышенные (чрезмерные) уровни данного рода встречались при воспалительных процессах в кишечнике. Виды *Bifidobacterium* колонизируют слой слизи кишечника и могут регулировать выработку слизи бокаловидными клетками. Однако некоторые штаммы *Bifidobacterium* могут также разрушать защитные гликаны белков муцина и нарушать слизистый барьер кишечника. Необходимо сопоставить с диетой, приемом пробиотиков и клинической картиной.
7. Отсутствует или крайне низкое значение **Lactobacillus. Вариант нормы.** Большинство присутствующих в кишечнике лактобацилл являются аллохтонными членами, полученными из ферментированной пищи, ротовой полости или более проксимальных частей ЖКТ.
8. Среднее значение **Bilophila**, которая выделяет цитотоксичный сероводород и может быть фактором риска воспаления, дисметаболизма желчных кислот и изменения метаболического профиля.
9. Отсутствует или крайне низкое значение **Oxalobacter.** Данная бактерия нечасто присутствует в микробиоме. Она участвует в ежедневном катаболизме от 70-100 мг оксалата, поступающего с пищей. Вследствие чего у человека снижается абсорбция оксалатов в просвете толстой кишки и снижается риск возникновения мочекаменной болезни.
10. Относительно повышенное значение **Phascolarctobacterium (3,5%).** Новый недавно открытый род бактерий, который играет важную роль в микробиоме здоровых людей, связан с метаболическим состоянием и настроением хозяина. Он почти не использует углеводы для роста и вместо этого использует сукцинат в качестве субстрата, для этого вступает в симбиоз с некоторыми бактериями кишечника, которые производят сукцинат из пищевых волокон ксиланов. Предыдущее исследование показало, что те, кто получал пищу с высоким содержанием жиров, имели большее количество продуцентов короткоцепочечных кислот, включая *Phascolarctobacterium faecium*. Бактерии рода *Phascolarctobacterium* являются типичными липолитическими бактериями (используют жир для получения энергии) и секретируют ферменты для расщепления триглицеридов и ее гидролизатов. Непереваренные в тонкой кишке жиры, в основном длинноцепочечные насыщенные жиры (пальмовое масло, сало, жир) могут действовать как источник питания для бактерий и, следовательно, могут регулировать бактериальное сообщество кишечника. Род *Phascolarctobacterium* обладает способностью ферментировать глицерин до ацетата и пропионата в кишечнике человека. Повышенное содержание остаточного жира в пищеварительном тракте может способствовать размножению данных бактерий. Недавно была обнаружена сильная положительная корреляция между

Phascolarctobacterium и IL-2R. Это указывает на то, что повышенное количество *Phascolarctobacterium* может рассматриваться как патогенный фактор, участвующий в воспалительной реакции. *Phascolarctobacterium* значимо коррелировал с системными воспалительными цитокинами.

11. Высокое значение пробиотического рода **Lactococcus (0,29%)**, который облегчает симптомы колита за счет его противовоспалительного и иммуномодулирующего действия. *Lactococcus lactis* - это молочно - кислая бактерия, широко используется в пищевой промышленности, для ферментации пищевых продуктов, особенно сыра, йогурта, квашеной капусты и т.п. Также данная бактерия способна синтезировать витамины группы B, в первую очередь фолиевую кислоту, бактериоцины (антимикробные пептиды), ГАМК, а также лекарственные метаболиты, например, гиалуроновую кислоту для заживления ран. Причина повышения -неизвестна, возможно из ферментированных продуктов.
12. Выявлена **Lachnospira (3,44%)** в высоком значении. Хотя представители *Lachnospiraceae* являются одними из основных продуцентов короткоцепочечных жирных кислот КЦЖК, различные таксоны *Lachnospiraceae* также связаны с различными внутри- и внекишечными заболеваниями. Их влияние на физиологию хозяина часто неодинаково в разных исследованиях. Высокие уровни *Lachnospira* ассоциированы с растительными диетами, положительно коррелировали с потреблением бета – каротина, вит Е и растительных жиров. В некоторых исследованиях чрезмерные уровни *Lachnospira* могут быть при метаболических нарушениях, возможно из – за избыточного производства КЦЖК. Необходимо результаты сопоставлять с диетой.
13. Высокое значение **Prevotella (27,2%)** **В зависимости от вашей диеты и образа жизни, они будут выделять или полезные или вредные метаболиты.** Высокий уровень может быть индикатором метаболических нарушений, инсулинорезистентности и ревматоидных заболеваний у европейского населения.

Данные бактерии специализируются на расщеплении сложных пищевых волокон, например, гемицеллюлозы, обычно встречаются в незападных популяциях, у людей из определенных районов Азии и сельской Африки и это обогащение для *Prevotella* у данных народов считается нормой. Они встречаются также и у европейцев, потребляющих много волокон и мало мяса и вегетарианцев. В сочетании с минимально обработанной пищей с высоким содержанием клетчатки *Prevotella* будет производить полезные короткоцепочечные жирные кислоты, которые могут помочь поддержать здоровье. Некоторые виды *Превотеллы* могут использовать в качестве источников топлива и клетчатку, и белок.

Диеты в западном стиле с низким содержанием клетчатки побуждают *Prevotella* переключаться на другой источник питания и использовать белок вместо клетчатки. Это приводит к образованию соединений, известных как аминокислоты с разветвленной цепью (BCAA), которые используются нашей мышечной тканью. Если уровень BCAA, производимый микробиомом, превышает способность мышц разрушать их, это приводит к накоплению токсичных соединений, которые могут нанести вред нашему здоровью. Повышенный уровень BCAA связан с метаболическими нарушениями- выше вероятность развития метаболических заболеваний, диабета 2 типа. Это своеобразный биомаркер для раннего выявления инсулинорезистентности и последующего диабетического риска.

14. **Dorea** в относительно повышенном значении **(1,35%)**. Данная бактерия является составной частью здоровой микрофлоры кишечника, образует газы, которые перехватывают бактериями рода *Blautia*, поэтому работают в паре. Численность *Dorea* может увеличиваться на ФОС (фрутоолигосахариды). *Dorea* может быть примером бактерии, которая проявляет либо провоспалительную, либо противовоспалительную роль в зависимости от вида, окружающих кишечных бактерий и / или доступных питательных веществ. Высокие значения *Dorea* spp. могут ассоциироваться с синдромом метеоризма, синдромом раздражённого кишечника, ВЗК, метаболическими нарушениями, повышенной кишечной проницаемостью. Некоторые виды *Dorea* являются провоспалительными. Они могут индуцировать Интерферон гамма (IFN γ), метаболизировать сиаловые кислоты и разлагать муцин. Это может приводить к повышенной кишечной проницаемости и хроническому воспалению.
15. **Erysipelotrichaceae_UCG-003** в относительно повышенном значении **(1,89%)**. Члены этого семейства бактерий, считается, обладают высокой иммуногенностью и могут потенциально процветать после лечения антибиотиками широкого спектра действия. Специфические таксоны внутри *Erysipelotrichaceae* могут коррелировать с воспалением. Исследования по питанию подтверждают влияние жиров в рационе на увеличение данного семейства. Связаны с нарушением обмена в-в. Связь между этим бактериальным семейством и липидемическими профилями у хозяина. Сообщалось о частичной потере биосинтеза жирных кислот в геномах некоторых представителей *Erysipelotrichaceae* наблюдается увеличение *Erysipelotrichaceae* на диете с высоким содержанием жира или западной диете.

Рекомендации:

- Оценка разнообразия питания
- Пищевой дневник 10-14 дней
- Оценка употребления разнообразия продуктов в течении года/сезонов
- Увеличение разнообразия продуктов в ежедневном рационе;
- Увеличение ферментированных продуктов в рационе питания;
- Оптимальное потребление растительной клетчатки
- Употребление домашних йогуртов/кефира на основе молока (животного или растительного происхождения: кокосовое, овсяное, миндальное) с заквасками².
- Для увеличения популяции **Лактобактерий** данные бактерии необходимо получать из продуктов питания. **Большинство ферментированных продуктов**, таких как йогурт и сыр, квашенные овощи (капуста) содержат тысячи живых молочнокислых бактерий. Обилие молочнокислых бактерий в образцах фекалий также может зависеть от возраста, образа жизни и географии человека, но их распространенность в целом низкая. Тем не менее, некоторые из наиболее распространенных молочнокислых бактерий в кишечнике человека были обнаружены в йогурте, сыре и других продуктах, включая ферментированные овощи и ферментированные продукты на основе злаков. Результаты некоторых исследований показывают, что употребление данных продуктов может обогатить кишечник потенциально пробиотическими микроорганизмами. Наиболее распространенные виды в кишечнике это *Streptococcus thermophilus* и *Lactococcus lactis*, которые обычно встречаются в кисло-молочных продуктах, в сыре и йогурте, а также *Lactobacillus curvatus*, содержащемся в сыре и квашеной капусте, и *Leuconostoc mesenteroides*, содержащиеся в продуктах питания, включая имбирное пиво, кефир и сыр.

²Марка рекомендуемых заквасок VIVO, LactofermECO. Варианты: Бифивит, Иммуно Йогурт, Lactoferm и др

Дополнительная информация

Чтобы снизить воспалительную нагрузку и повысить разнообразие микробиоты, рекомендуется сбалансированный рацион, близкий к **средиземноморской диете**.

Данный тип питания также способствует профилактике колоректального рака за счет повышенного содержания:

- - пищевых волокон (растительной клетчатки, особенно цельнозерновых)
- -биоактивных полифенолов
- -полиненасыщенных жирных кислот.

Сокращение/исключение продуктов, негативно влияющих на воспалительный каскад:

- - простые углеводы, добавленный сахар, магазинные фруктовые соки
- - транс-жиры (на этикетках «частично гидрогенизированные жиры».)
- - продукты с высоким гликемическим индексом
- - чрезмерное количество насыщенных жиров

1. Постепенно включать в свой рацион **клетчатку (пищевые волокна)**, которая способствует росту пробиотических кишечных бактерий. Растительная клетчатка — это любимая еда для полезных бактерий. Клетчатки много в овощах, фруктах, бобовых, семечках, орехах, цельнозерновых. Начинать вводить в рацион стоит с вареных продуктов (овощей), в таком виде бактериям легче их переваривать, далее постепенно вводить сырые овощи, особенно аккуратно в случае **гастрита и при СРК**.

Клетчатка- это сложные углеводы, в которых молекулы глюкозы соединены бета-связью, которая намного прочнее альфа-связи простых углеводов (за исключением резистентного крахмала, в котором альфа-связи). Организм человека может перерабатывать только несколько видов сложных углеводов, таких как растительные крахмалы и животный гликоген. Наш организм вырабатывает ограниченное количество пищеварительных ферментов, которые могут расщеплять пищу. И волокна занимают особое положение, потому что в нашем организме нет ферментов, которые бы их расщепляли. Этим занимаются бактерии кишечника, с пользой для нас и для себя, вырабатывая полезные метаболиты, как КЦЖК. Пищевые волокна из цельных растительных пищевых продуктов могут ферментироваться бактериями для получения энергии, что приводит к выработке короткоцепочечных жирных кислот КЖК, которые положительно влияют на функцию эпителиального барьера и снижают цитотоксичность патогенных микроорганизмов из соединений, производимых вредными веществами бактерий. Бутират (один из SCFA) имеет иммуномодулирующее действие, включая улучшение кишечной барьерной функции и врожденного иммунитета.

2. **Включать в рацион резистентный (устойчивый) крахмал**, который является основным субстратом для питания и роста полезных бактерий из кластера *Clostridium XIVa* & *Ruminococcus*. В организме человека устойчивый крахмал не расщепляется до простых сахаров и не переваривается, поэтому доходит до толстого кишечника целым.

Бактерии в процессе расщепления устойчивого крахмала вырабатывают короткоцепочечные жирные кислоты, которыми питаются клетки кишечника, чтобы выполнять свои функции. Согласно исследованиям потребление продуктов с устойчивым крахмалом снижает гликемический ответ.

Это значит, что после приема пищи происходит более плавный подъем глюкозы, с которым гормону инсулину легче справиться. Когда инсулин не может справиться со своей функцией, развивается сахарный диабет 2 типа.

Усиление бактериальной ферментации резистентного крахмала к SCFA (особенно бутирату) снижает pH фекалий в толстой кишке, и это снижение pH может подавлять пролиферацию патогенных организмов и индукцию повреждения ДНК, а также усиливать апоптоз и предотвращать пролиферацию раковых клеток. Длительная диета с преобладанием клетчатки может увеличивать плотность *Firmicutes*, которые могут оказывать иммуномодулирующее и противовоспалительное действие у хозяина

Устойчивый крахмал содержится в зеленых бананах, манго, бобовых, семенах, зерновом хлебе, а также остывших после приготовления продуктах: рисе, пасте и картофеле. Это связано с тем, что по мере нагревания и остывания структура крахмала меняется.

3. Включать в рацион биоактивные полифенолы

Большинство фруктов и овощей, зеленый чай, горький шоколад, какао, содержат фитохимические вещества с антимикробными и противовоспалительными свойствами. Фитохимические вещества способны поддерживать баланс микробиоты кишечника и проявлять противоопухолевые свойства (например, уменьшать пролиферацию клеток и стимулировать апоптоз раковых клеток, ингибировать ангиогенез и задерживать метастазирование). Поскольку полифенолы плохо всасываются в тонком кишечнике, они обычно имеют тенденцию накапливаться в толстой кишке, где они могут быть гидролизованы ферментативной активностью кишечного микробного сообщества в биоактивные соединения. Более того, было обнаружено, что полифенолы, присутствующие в толстой кишке, значительно изменяют микробиоту кишечника, в частности, подавляя рост патогенных видов *Clostridium* и *Bacteroides*

4. **Включать в рацион пребиотики:** из фруктов самый мощный натуральный пребиотик и рекордсмен по содержанию инулина — это груши. Это любимая еда для *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*. Еще один фрукт-это яблоки. Яблочный пектин -еда для *Bifidobacterium*. Суточная доза фруктозы-25 гр. Инулин состоит из цепочек молекул фруктозы. Они не перевариваются в тонком кишечнике и целыми попадают в толстую кишку, где ими кормится микробиота. Инулин в большом количестве содержится в топинамбуре, артишоке, корне цикория, бананах, луке, спарже, чесноке, пшенице, луке-порее. Однако большое количество инулина может усилить образование газов.

5. **Постепенно включать ферментированные продукты в свой постоянный рацион.** Они содержат натуральные пробиотические *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*. Метаболом потребителей ферментированных пищевых продуктов обогащен конъюгированной линолевой кислотой (CLA), способствующей укреплению здоровья. Ферментированные продукты необходимо добавлять в рацион в небольшом количестве. Начинать надо с продуктов, которые употреблялись в вашей семье и встречаются в культуре питания ваших предков. Например, большое содержание *Lactobacillus* в квашенной капусте по старому рецепту, без укуса.

При гастрите, язве, повышенной кислотности, СРК, и воспалении ЖКТ в стадии обострения-исключаются из рациона. Очень аккуратно с комбучей (чайный гриб), его нельзя при аутоиммунных заболеваниях, СД2, экземе, псориазе, избыточном весе, СДВ, гиперактивности.

6. **Цельнозерновые злаки**– содержат 1,4 и 1,3-бета-глюканы, которые являются субстратом для *Bifidobacterium*, *Lactobacillus* и других пробиотических бактерий. Их включение в ежедневный рацион благотворно скажется на Вашем здоровье. Бета-глюканы содержатся в большом количестве в отрубях и цельнозерновых продуктах из овсяной крупы. Этот тип клетчатки перерабатывают бактерии отдела *Firmicutes*. При расщеплении волокон бета-глюкана они производят масляную кислоту, которая питает клетки кишечника и помогает им правильно выполнять свои функции, в том числе и иммунные. Было показано, что пищевые волокна, особенно цельнозерновые, были обратно связаны с риском развития рака прямой и толстой кишки. Ферментация растворимых волокон, таких как лигнан и β -глюкан микробиотой кишечника также играет решающую роль в профилактике рака.
7. **Включать растительный белок в свой рацион**, например, белки гороха влияют на рост кишечных комменсальных бактерий, особенно лактобацилл и бифидобактерий, уровни которых значительно увеличились. Белок растительного происхождения лучше влияет на микробиом кишечника, а также оказывает положительное влияние на метаболизм хозяина.
8. **Диеты, богатые полиненасыщенными жирными кислотам**

Разнообразные исследования недавно определили влияние диетических полиненасыщенных жирных кислот омега-3 (ПНЖК) на микробиоту кишечника. ПНЖК способны уменьшать микробный дисбактериоз кишечника за счет увеличения доли полезных бактерий и уменьшения доли патогенных бактерий в желудочно-кишечном тракте

ПНЖК широко изучаются из-за их роли в их защитном эффекте от канцерогенеза CRC, главным образом посредством механизмов, регулирующих дифференцировку и апоптоз колоноцитов. Эти ПНЖК могут также изменять компоненты клеточного цикла, действовать на иммунную систему и модулировать экспрессию генов, связанных с CRC.

Анализ проводили:

Главный биолог: Полев Д. Е.

Биоинформатик: Ушаков М.

Генеральный директор: Асеев М.В.



СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ТИПОВ

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля%	Классификация: типы	Доля%
<i>Firmicutes</i>	50,9422	<i>Campilobacterota</i>	0
<i>Bacteroidota</i>	40,9781	<i>Elusimicrobiota</i>	0
<i>Actinobacteriota</i>	6,77469	<i>Euryarchaeota</i>	0
<i>Proteobacteria</i>	1,0338	<i>Fusobacteriota</i>	0
<i>Desulfobacterota</i>	0,08798	<i>Incertae_Sedis</i>	0
<i>Unclassified</i>	0,08798	<i>Patescibacteria</i>	0
<i>Verrucomicrobiota</i>	0,08065	<i>Spirochaetota</i>	0

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
<i>Prevotella</i>	27,1501	<i>Parasutterella</i>	0,61588	<i>m</i>	
<i>Faecalibacterium</i>	10,4993	<i>UCG-002</i>	0,48391	<i>GCA-900066575</i>	0,20529
<i>Bacteroides</i>	10,0851	<i>Barnesiella</i>	0,45458	<i>Monoglobus</i>	0,1833
<i>Unclassified</i>	9,00726	<i>Lachnospiraceae_U</i>		<i>Howardella</i>	0,12464
<i>Subdoligranulum</i>	4,36249	<i>CG-004</i>	0,44725	<i>UCG-005</i>	0,12098
<i>Bifidobacterium</i>	3,79793	<i>Anaerostipes</i>	0,42159	<i>Butyricimonas</i>	0,10998
<i>Agathobacter</i>	3,64396	<i>Streptococcus</i>	0,41425	<i>UCG-003</i>	0,10631
<i>Phascolarctobacterium</i>	3,47899	<i>Paraprevotella</i>	0,34827	<i>Colidextribacter</i>	0,10265
<i>Lachnospira</i>	3,43867	<i>Butyricoccus</i>	0,3446	<i>Enterorhabdus</i>	0,10265
<i>Ruminococcus</i>	2,18491	<i>Senegalimassilia</i>	0,34093	<i>28-4</i>	0,09532
<i>Erysipelotrichaceae</i>		<i>Fusicatenibacter</i>	0,33727	<i>Lactonifactor</i>	0,09532
<i>_UCG-003</i>	1,89163	<i>Slackia</i>	0,3226	<i>Prevotellaceae_YAB</i>	
<i>Roseburia</i>	1,84764	<i>Lachnoclostridium</i>	0,30428	<i>2003_group</i>	0,09532
<i>Coprococcus</i>	1,79632	<i>Christensenellaceae</i>		<i>Bilophila</i>	0,08798
<i>Lachnospiraceae_N</i>		<i>_R-7_group</i>	0,28961	<i>NK4A214_group</i>	0,08798
<i>K4A136_group</i>	1,723	<i>Sutterella</i>	0,28961	<i>Odoribacter</i>	0,08798
<i>Collinsella</i>	1,60202	<i>Lactococcus</i>	0,28595	<i>Akkermansia</i>	0,08065
<i>Dorea</i>	1,34541	<i>Clostridium_sensu_st</i>		<i>Coprobacter</i>	0,08065
<i>Parabacteroides</i>	1,11079	<i>riccto_1</i>	0,27495	<i>Holdemania</i>	0,07699
<i>Lachnospiraceae_N</i>		<i>Alistipes</i>	0,26028	<i>Floriccoccus</i>	0,06599
<i>D3007_group</i>	0,79918	<i>Incertae_Sedis</i>	0,24562	<i>Anaerofilum</i>	0,06232
<i>Blautia</i>	0,62321	<i>Romboutsia</i>	0,22362	<i>Lachnospiraceae_U</i>	
		<i>Erysipelatoclostridium</i>	0,20896	<i>CG-003</i>	0,05866

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Anaerosporebacter	0,05499	Actinomyces	0	Dermacoccus	0
hoa5-07d05_gut_group	0,05499	Actinotignum	0	Desulfonispore	0
CAG-56	0,05132	Adlercreutzia	0	Desulfovibrio	0
Escherichia/Shigella	0,05132	Allisonella	0	Dialister	0
Lachnospiraceae_U CG-010	0,05132	Alloprevotella	0	Dielma	0
Haemophilus	0,04033	Anaerobacter	0	Dolosigranulum	0
Paludicola	0,04033	Anaerobium	0	EMP-G18	0
Veillonella	0,03299	Anaerococcus	0	Eggerthella	0
Family_XIII_UCG-001	0,02933	Anaerofustis	0	Eisenbergiella	0
Lachnospiraceae_N C2004_group	0,02566	Anaeroglobus	0	Elusimicrobium	0
Defluviitaleaceae_U CG-011	0,022	Anaeroplasma	0	Enhydrobacter	0
Phoceae	0,022	Anaerosphaera	0	Enorma	0
CHKCI001	0,01833	Anaerotruncus	0	Enterobacter	0
Catenibacillus	0,01833	Anaerovirgula	0	Enterococcus	0
Caldimonas	0,01466	Aquamonas	0	Enteroscipio	0
Lachnospiraceae_F CS020_group	0,01466	Asteroleplasma	0	Erysipelotrichaceae _UCG-006	0
UCG-004	0,01466	Atlantibacter	0	Eubacterium	0
Caproiciproducens	0,011	Atopobium	0	Ezakiella	0
Marvinbryantia	0,011	Blastocystis	0	Faecalicoccus	0
Candidatus_Soleatef rrea	0,00733	Brachyspira	0	Faecalitalea	0
FD2005	0,00733	Bradyrhizobium	0	Family_XIII_AD3011_group	0
GCA-900066755	0,00733	Brevundimonas	0	Fenollaria	0
Lachnospiraceae_U CG-001	0,00733	CAG-352	0	Finegoldia	0
Oscillibacter	0,00733	CAG-873	0	Flavonifractor	0
Oscillospira	0,00733	CHKCI002	0	Fringingococcus	0
Prevotellaceae_Ga 6A1_group	0,00733	Caldicoprobacter	0	Fructobacillus	0
Sellimonas	0,00733	Campylobacter	0	Fusobacterium	0
Angelakisella	0,00367	Candidatus_Saccharimonas	0	Garciella	0
Fournierella	0,00367	Catenibacterium	0	Gemella	0
Intestinimonas	0,00367	Catenisphaera	0	Gordonibacter	0
Lachnobacterium	0,00367	Christensenella	0	Granulicatella	0
Pseudoscardovia	0,00367	Chryseobacterium	0	Hafnia-Obesumbacterium	0
Sporobacter	0,00367	Citrobacter	0	Hespellia	0
UC5-1-2E3	0,00367	Cloacibacillus	0	Holdemanella	0
UCG-009	0,00367	Clostridioides	0	Hungatella	0
Acetanaerobacterium	0	Clostridium_sensu_stricto_2	0	Hydrogenoanaerobacterium	0
Achromobacter	0	Comamonas	0	Intestinibacter	0
Acidaminococcus	0	Coprobacillus	0	Isobaculum	0
Acinetobacter	0	Coriobacteriaceae_UCG-003	0	Klebsiella	0
Actinobacillus	0	Corynebacterium	0	Kluyvera	0
		Cricetibacter	0	Lachnospiraceae_A C2044_group	0
		Cronobacter	0	Lachnospiraceae_F E2018_group	0
		Cutibacterium	0	Lachnospiraceae_U	0
		DNF00809	0		
		DTU089	0		

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
CG-002		Papillibacter	0	D38_termite_group	
Lachnospiraceae_U		Paraherbaspirillum	0	S5-A14a	0
CG-006	0	Parvibacter	0	Salmonella	0
Lactobacillus	0	Parvimonas	0	Samsonia	0
Lawsonella	0	Pectinatus	0	Sanguibacteroides	0
Lelliottia	0	Pelomonas	0	Sarcina	0
Leuconostoc	0	Peptoanaerobacter	0	Sediminibacterium	0
Libanicoccus	0	Peptococcus	0	Shuttleworthia	0
Mailhella	0	Peptoniphilus	0	Siccibacter	0
Mangrovibacter	0	Peptostreptococcus	0	Sneathia	0
Mangrovibacterium	0	Photobacterium	0	Solobacterium	0
Megamonas	0	Porphyromonas	0	Sphingomonas	0
Megasphaera	0	Prevotellaceae_NK3		Sporacetigenium	0
Merdibacter	0	B31_group	0	Stenotrophomonas	0
Methanobrevibacter		Prevotellaceae_UC		Succiniclasticum	0
r	0	G-001	0	Succinivibrio	0
Methanosphaera	0	Prevotellaceae_UC		Synergistes	0
Methylobacterium-		G-003	0	Syntrophococcus	0
Methylorubrum	0	Prevotellaceae_UC		TM7x	0
Microbacter	0	G-004	0	Tepidibacter	0
Micrococcus	0	Propionimicrobium	0	Terrisporobacter	0
Millisia	0	Pseudocitrobacter	0	Tetragenococcus	0
Mitsuokella	0	Pseudoflavonifracto		Trabulsiella	0
Mobiluncus	0	r	0	Turicibacter	0
Mogibacterium	0	Pseudomonas	0	Tuzzerella	0
Mucilaginibacter	0	Pygmaibacter	0	Tyzzera	0
Mucinivorans	0	Pyramidobacter	0	UBA1819	0
Murdochiella	0	Ralstonia	0	UCG-007	0
Necropsobacter	0	Raoultella	0	UCG-008	0
Negativibacillus	0	Raoultibacter	0	Varibaculum	0
Negativicoccus	0	Rikenella	0	Victivallis	0
Neisseria	0	Rikenellaceae_RC9_		Weissella	0
Nissabacter	0	gut_group	0	XBB1006	0
Olsenella	0	Robinsoniella	0	possible_genus_Sk01	
Orrella	0	Rosenbergiella	0	8	0
Oxalobacter	0	Rothia	0		
		Rs-	0		

