

# Raport z analizy

20 November 2022



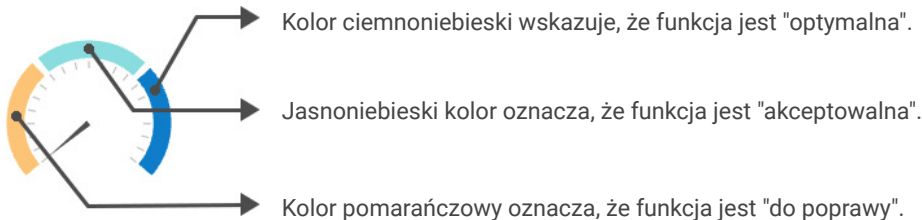
**Gniom**Check





## PREAMBUŁA

GniomCheck to zestaw do analizy mikrobioty jelitowej poprzez sekwencjonowanie DNA obecnego w stolcu. Odkryty raport z analizy pozwala ocenić wpływ Twojej mikrobioty na wiele funkcji Twojego organizmu. Raport ten przedstawiony jest w formie wskaźników, jak ten poniżej.



Sama wartość laboratoryjna nie świadczy o stanie zdrowia. Osoby z wartościami laboratoryjnymi poza zakresem referencyjnym mogą być zdrowe, a osoby z wartościami laboratoryjnymi w zakresie referencyjnym mogą być chore.

Interpretacja wszystkich wyników i zalecenia są wynikiem ekspertyzy GniomCheck. Rekomendacje będą wyszczególnione tylko wtedy, gdy nasz algorytm uzna to za konieczne. Wyniki te nie powinny być wykorzystywane jako diagnoza, opieka medyczna lub leczenie jakiegokolwiek stanu.

Również test Gniom-Check jest elementem oceny funkcjonalnej organizmu.

Wskaźniki oparte są na autorskim algorytmie firmy GniomCheck.

Dobrze wiedzieć: Problem jest wynikiem wielu czynników. Na przykład, przepuszczalność jelit może być spowodowana przez mikrobiotę, która nie jest wystarczająco zróżnicowana, przyjmowanie leków, spożywanie gliadyny (pszenicy), pestycydów, alkoholu, itp.





## ANAMNESIS

### OGÓLNE PYTANIA

Dlaczego zdecydowałeś się przystąpić do testu?	Czasami cierpię na problemy jelitowe i trawienne.
Płeć:	Męski
Rok urodzenia :	1987
Miesiąc urodzenia:	4
Wzrost (cm):	178
Waga (kg):	66
Czy palisz papierosy ?	Nie
Czy masz dzieci?	tak
Jak często pijesz średnio alkohol?	Nigdy
Jaka jest Twoja dieta?	Bez diety
Inne nawyki żywieniowe	Zrównoważony
Jak często bierzesz udział w aktywności fizycznej?	Raz lub dwa razy w tygodniu
Jak intensywnie ćwiczysz?	Niska intensywność

### POCHODZENIE

Jakie jest Twoje pochodzenie?	Europejski
W jakim kraju mieszkasz?	France
W jakim środowisku mieszkasz?	Miasto

### WYKSZTAŁCENIE MEDYCZNE

Czy obecnie cierpisz na jakieś choroby?	• Nadciśnienie tętnicze
Czy bierzesz obecnie jakieś leki?	•
Czy bierzesz probiotyki?	Inny
Czy masz jakieś alergie lub nietolerancje?	• Mięczaki i skorupiaki • Nie
Jak często dochodzi do wypróżnień?	Raz dziennie.
Jak oceniasz swoje samopoczucie fizyczne? Skala od 1 „Bardzo źle” do 10 „Bardzo dobrze”	8



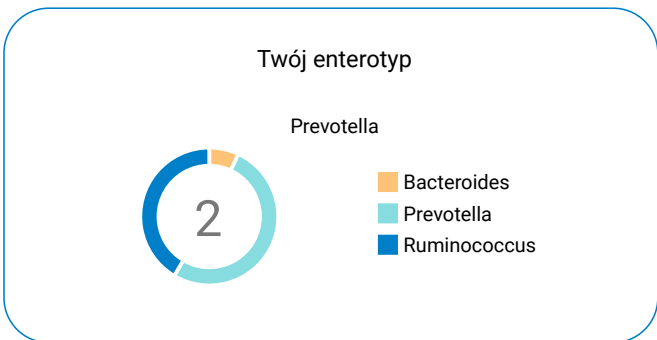
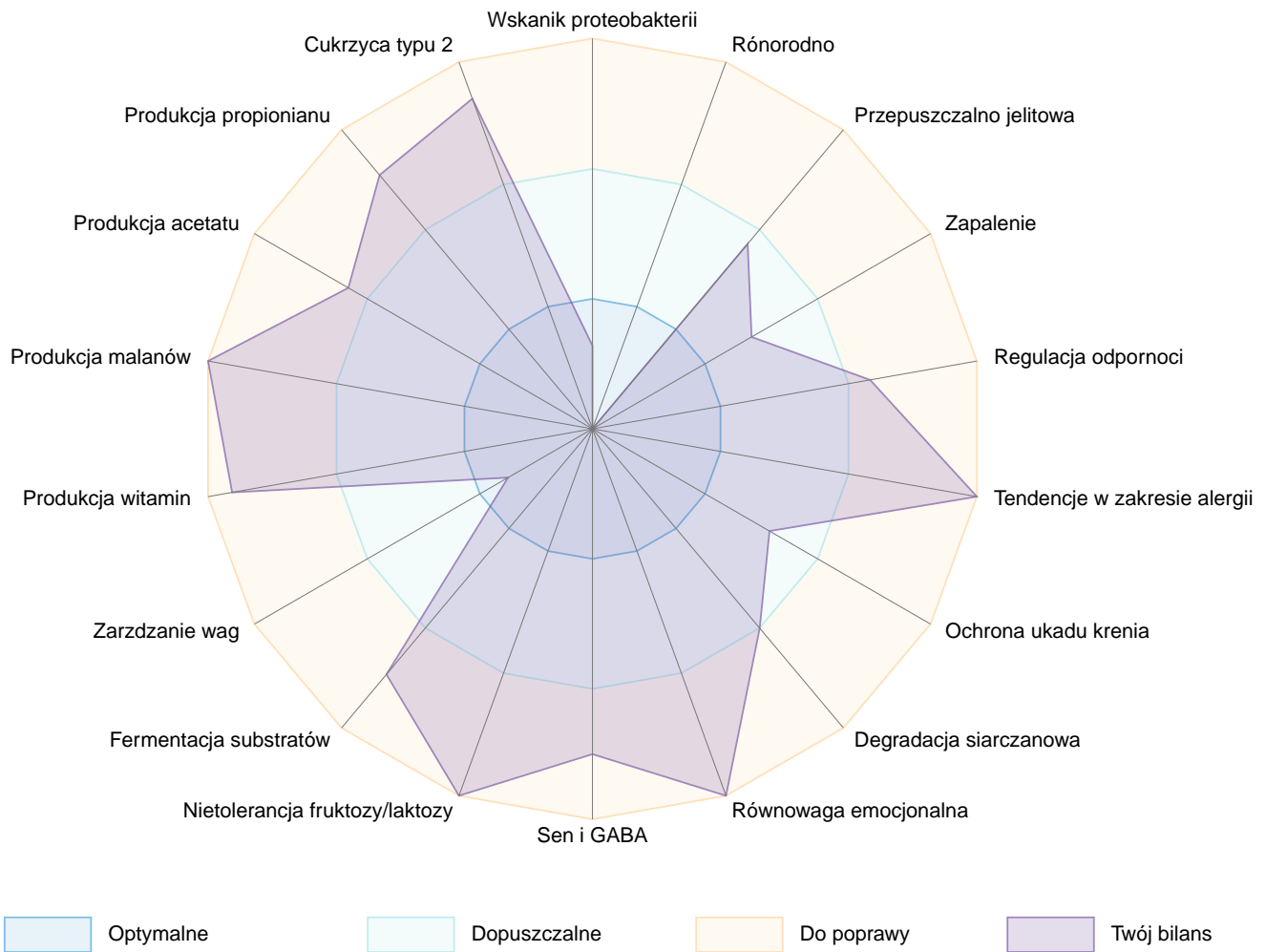
Jak oceniasz swoje samopoczucie psychiczne? **9**  
Skala od 1 „Bardzo źle” do 10 „Bardzo dobrze”

Czy w ciągu ostatniego roku zyskałeś lub straciłeś **Nie**  
więcej niż 5 kg?

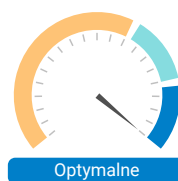


## WIDOK OGÓLNY

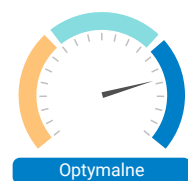
WIDOK OGÓLNY



### Różnorodność

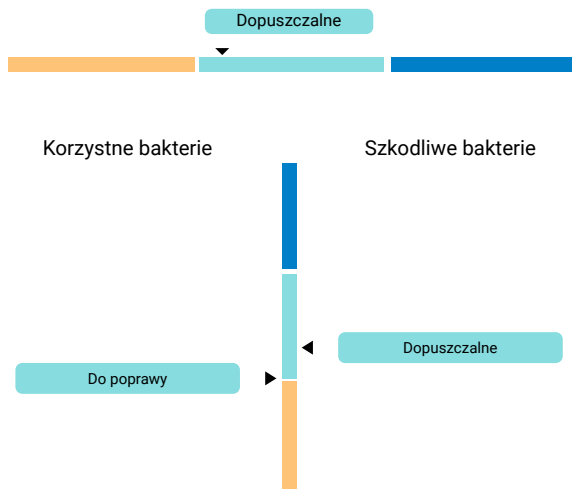


### Indeks proteobakterii





## Przepuszczalność jelit



## Zapalenie



## Regulacja odporności



## Tendencje w zakresie alergii



## Ochrona układu krążenia



## Degradacja siarczanowa



## Równowaga emocjonalna



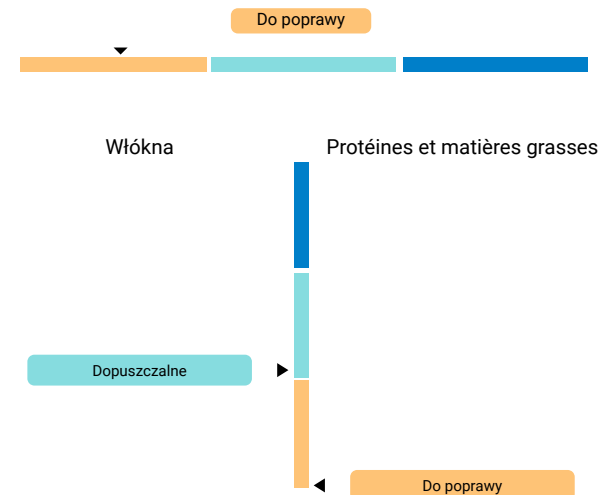
## Sen i GABA



## Nietolerancja fruktozy/laktozy



## Fermentacja substratów



## Kontroli wagi

### Tendencja do tycia



### Łatwość utraty wagi

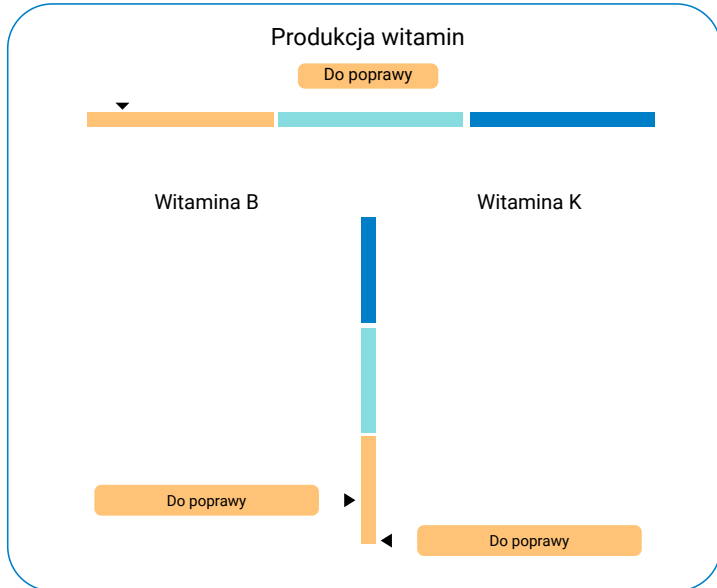


### Regulacja apetytu





Bakterie jelitowe biorą udział w produkcji witamin (K i B) oraz krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych, które przyczyniają się do zachowania równowagi i zdrowia gospodarza.



Produkcja maślanów



Produkcja acetonu



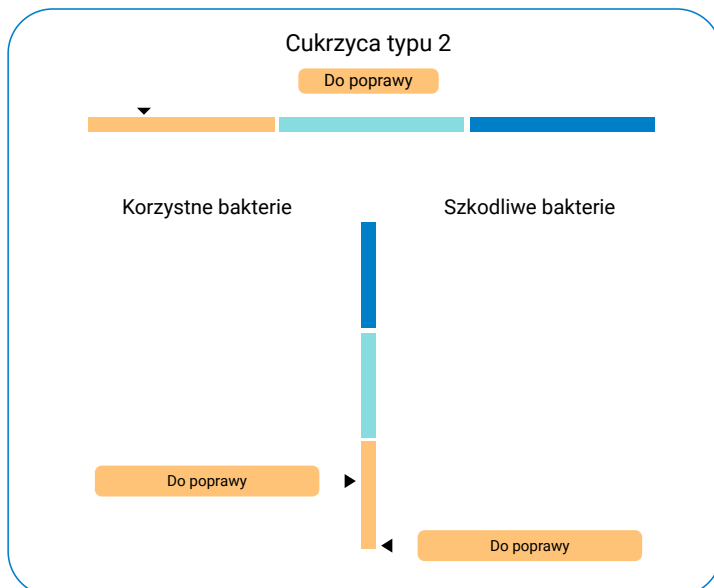
Produkcja propionianu



WIDOK OGÓLNY

## CZYNNIKI RYZYKA

Wiele ostatnich badań naukowych sugeruje związek między brakiem równowagi w mikrobiocie jelitowej a rozwojem chorób. Dowiedz się w tym rozdziale, jak Twoja mikrobiota jelitowa może być czynnikiem ryzyka dla cukrzycy typu 2.





## WIDOK SZCZEGÓŁOWY

### ENTEROTYP : 2

#### • Wyjaśnienia

W naszych jelitach rezyduje unikalna kombinacja bakterii. Społeczność ta tworzy grupę, która zmienia się częściowo w zależności od diety, leczenia, itp. Badania mikrobioty człowieka wyróżniają trzy główne grupy zwane enterotypami, zdominowane przez jeden rodzaj bakterii. Enterotyp 1 jest zdominowany przez rodzaj Bacteroides, enterotyp 2 przez Prevotella, a enterotyp 3 przez Ruminococcus. Bacteroides i Ruminococcus związane są z dietą bogatą w tłuszcze i białka zwierzęce, Prevotella - z dietą bogatą w węglowodany.

### RÓŻNORODNOŚĆ

Optymalne

#### • Wyjaśnienia

Skład mikrobioty jelitowej określa jej bogactwo (całkowita liczba mikroorganizmów) i różnorodność (liczba różnych gatunków). Im bogatsza i bardziej zróżnicowana jest mikrobiota, tym lepiej jest w stanie pełnić wiele funkcji istotnych dla zdrowia gospodarza. Na wszystkie główne współczesne patologie ma wpływ zmiana różnorodności mikrobioty jelitowej.

### INDEKS PROTEOBAKTERII

Optymalne

#### • Wyjaśnienia

Proteobakterie są szeroko rozpowszechnione w jelitach. Muszą być one jednak utrzymywane na bardzo niskim poziomie, ponieważ składają się z wielu patogenów, które potencjalnie mogą wywołać szereg chorób. Dlatego zrównoważona flora jelitowa dorosłego człowieka zawiera naturalnie tylko niewielki odsetek proteobakterii.





## PRZEPUSZCZALNOŚĆ JELITOWA

Dopuszczalne

### Wyjaśnienia

Bariera jelitowa jest selektywną granicą umożliwiającą przechodzenie składników odżywczych i ochronę przed nadmiernym przechodzeniem antygenów pokarmowych i bakteryjnych. Skład mikrobioty jelitowej ma znaczący wpływ na ich integralność, zwłaszcza poprzez promowanie odnowy komórek i produkcję ochronnego śluzu. I odwrotnie, niektóre bakterie powodują zachwianie jej równowagi, utratę szczelności i wnikanie elementów chorobotwórczych, które z czasem wywołują niskoprocetowy ogólnoustrojowy stan zapalny.

### Wyniki

#### Korzystne bakterie : Do poprawy

Roseburia	1.391 %		0.00688 - 0.04294
Faecalibacterium	10.675 %		0.00049 - 0.20988
Bacteroides	1.076 %		< 0.00668
Akkermansia	0.442 %		> 0.00013
Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Oscillospira	0.923 %		> 0.00223

#### Potencjalnie szkodliwe bakterie : Dopuszczalne

Escherichia	0.544 %		= 0
Clostridium	0.021 %		0.00022 - 0.00589
Eggerthella	0.000 %		> 0.001
Sutterella	0.560 %		0.00030 - 0.00317
Klebsiella	0.000 %		= 0
Enterobacter	0.000 %		= 0
Citrobacter	0.000 %		= 0

## ZAPALENIE

Do poprawy

### Wyjaśnienia

Fizjologiczny poziom stanu zapalnego jest niezbędny, aby nasz organizm mógł się skutecznie bronić. Jednak obecność gatunków chorobotwórczych zaburza tę równowagę i wywołuje szkodliwą dla naszego organizmu reakcję zapalną.

### Wyniki

Citrobacter	0.000 %		= 0
Enterobacter	0.000 %		= 0
Escherichia	0.544 %		= 0
Klebsiella	0.000 %		= 0
Providencia	0.000 %		= 0
Pseudomonas	0.000 %		= 0

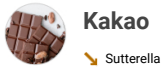


Sutterella 0.560 % 0.00030 - 0.00317

## • Zalecenia



Uwalnianie cytokin prozapalnych, wzrost przepuszczalności jelit i przechodzenie toksyn do krwiobiegu, jest czynnikiem niskoprocentowego, ogólnoustrojowego stanu zapalnego, który jest szkodliwy dla całego organizmu. Ten stały klimat zapalny jest silnie zaangażowany w rozwój wielu chorób przewlekłych.



**Kakao**

↓ Sutterella



**Kiwi**

↓ Escherichia



**Gorzki melon**

↓ Escherichia



**Jagoda**

↓ Escherichia

## REGULACJA ODPORNOŚCI

Do poprawy

## • Wyjaśnienia

Błona śluzowa jelita jest ważnym miejscem odporności. Niektóre bakterie biorą udział w regulacji układu odpornościowego, zwłaszcza poprzez produkcję cytokin przeciwzapalnych i maślanu. Maślan jest krótkołańcuchowym kwasem tłuszczowym, który sprzyja modulacji odpowiedzi immunologicznej poprzez namnażanie limfocytów regulatorowych i integralność nabłonka jelitowego.

## • Wyniki

Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Faecalibacterium	10.675 %		0.00049 - 0.20988
Lactobacillus	0.716 %		0.00144 - 0.02086
Phascolarctobacterium	0.074 %		> 0.000385
Roseburia	1.391 %		0.00688 - 0.04294
Oscillospira	0.923 %		> 0.00223

## • Zalecenia



Jelito jest podstawowym narządem odpornościowym. Integralność błony śluzowej jelita zapobiega przenikaniu makrocząstek pokarmu, patogenów i sprzyja wykształceniu komórek odpornościowych mieszczących się w tkance łącznej pod błoną śluzową. Zdrowy mikrobiom dostarcza sygnałów, poprzez antygeny powierzchniowe i metabolity, które są niezbędne do precyzyjnego dostrojenia odpowiedzi immunologicznej.



**Słodzik**

↓ Oscillospira



**Siemię Iniane**

↓ Faecalibacterium



**Fasola biała**

↓ Oscillospira



**Orzechy**

↓ Oscillospira



**Czerwone mięso**

↓ Bifidobacterium



## PREFEROWANA(E) DIETA(Y)

- Dieta o wysokiej zawartości tłuszczów nasyconych -Lactobacillus
- Dieta wysokocukrowa -Lactobacillus
- Dieta bezglutenowa -Faecalibacterium

## PREFEROWANY(E) SKŁADNIK(I) ODŻYWCZY(E)

---



---



---



---



---

WIDOK SZCZEGÓŁOWY

## TENDENCJE W ZAKRESIE ALERGII

Do poprawy

### • Wyjaśnienia

Mikrobiota jelitowa bierze udział w mechanizmach alergicznych, takich jak uczulenie alergiczne, atopowe zapalenie skóry, eozynofilia obwodowa, alergiczny nieżyt nosa i astma. Liczba pewnych bakterii będzie się zmniejszać lub zwiększać w zależności od rodzaju choroby alergicznej. Zaburzenia równowagi w ekosystemie jelitowym poprzedzają rozwój alergii pokarmowej.

### • Wyniki

Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Faecalibacterium	10.675 %		0.00049 - 0.20988
Lactobacillus	0.716 %		0.00144 - 0.02086
Ruminococcus	6.420 %		0.02037 - 0.06008
Eubacterium	0.645 %		0.00139 - 0.03901
Roseburia	1.391 %		0.00688 - 0.04294

### • Zalecenia

Dodanie błonnika do diety sprzyja działaniu immunomodulacyjnemu i antyalergicznemu. Obecność krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych, takich jak maślan i propionian, reguluje wielkość komórek regulacyjnych układu odpornościowego i uczulenie na wszelkie alergeny środowiskowe i pokarmowe. Ograniczenie tłuszczów nasyconych w diecie zmniejsza ryzyko wystąpienia alergii pokarmowej.



Mikrobiom odgrywa rolę w patogenezie i ewolucji alergii. Na podatność na choroby alergiczne wpływa przede wszystkim wczesna kolonizacja bakteryjna. Poród cesarski, brak karmienia piersią i wczesna antybiotykoterapia zmniejszają różnorodność mikrobioty jelitowej niemowlęcia i zwiększają ryzyko wystąpienia alergii.



**Emulgator**

Eubacterium



**Siemię Iniane**

Faecalibacterium, Ruminococcus



**Fasola biała**

Ruminococcus



**Czerwone mięso**

Bifidobacterium



## PREFEROWANA(E) DIETA(Y)

- Dieta o wysokiej zawartości tłuszczów nasyconych -Lactobacillus
- Dieta o wysokiej zawartości białka zwierzęcego -Eubacterium
- Dieta wysokocukrowa -Lactobacillus

## PREFEROWANY(E) SKŁADNIK(I) ODŻYWCZY(E)

- Mieszanka Inuliny/FOS -Eubacterium

## OCHRONA UKŁADU KRĄŻENIA

Dopuszczalne

### • Wyjaśnienia

Mikrobiota jelitowa przyczynia się do równowagi układu sercowo-naczyniowego. Niektóre bakterie wydają się być zaangażowane w ryzyko kardiometaboliczne, zwłaszcza te składające się z LPS, które zwiększają endotoksemię i niski stopień systemowego zapalenia, a także te, które mogą konsumować cholinę, L-karnitynę i betainę w celu wytworzenia trimetyloaminy. Trimetyloamina jest metabolitem, który po utlenieniu w wątrobie jest czynnikiem ryzyka miażdżycy i chorób układu krążenia.

### • Wyniki

Anaerococcus	0.000 %	< 0.00618
Emergencia	0.076 %	< 0.01518
Enterobacter	0.000 %	= 0
Escherichia	0.544 %	= 0
Proteus	0.000 %	= 0
Providencia	0.000 %	= 0
Clostridium	0.021 %	0.00022 - 0.00589

## DEGRADACJA SIARCZANOWA

Dopuszczalne

### • Wyjaśnienia

W świetle okrężnicy siarkowodor jest wytwarzany przez bakterie redukujące siarczany z aminokwasów zawierających siarkę, siarczanów pokarmowych i dodatków siarczanowych. Siarkowodor w nadmiarze jest gazem toksycznym, ponieważ hamuje oksydazę cytochromu C i tym samym oddychanie mitochondrialne, ale w niskich stężeniach służy jako substrat energetyczny dla kolonocytów. Wywołuje zatem różne reakcje biologiczne w zależności od jego ilości. Bakterie rozkładające siarczany w celu wytworzenia siarkowodoru muszą zatem pozostawać w równowadze i nie ulegać nadmiernej ekspresji.

### • Wyniki

Desulfosarcina	0.000 %	= 0
Desulfovibrio	1.663 %	= 0
Desulfuromonas	0.000 %	= 0



## • Zalecenia



### Gorzki melon

Desulfovibrio

## RÓWNOWAGA EMOCJONALNA

Do poprawy

## • Wyjaśnienia

Mózg i jelito to dwa kluczowe narządy, które są ultra połączone. Mikrobiota jelitowa jest uprzywilejowanym interfejsem, ponieważ uczestniczy w produkcji metabolitów (witaminy, aminokwasy, krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe, neuroprzebieżniki, itp.), które działają bezpośrednio lub pośrednio na mózg i stan emocjonalny. Brak równowagi w bakteriach obecnych w jelicie grubym przyczynia się do zaburzeń nastroju i pojawienia się stanu depresyjnego, szczególnie poprzez zwiększenie mechanizmów zapalnych.

## • Wyniki

Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Faecalibacterium	10.675 %		0.00049 - 0.20988
Lactobacillus	0.716 %		0.00144 - 0.02086
Coprococcus	1.050 %		0.01042 - 0.03770
Dialister	0.000 %		> 0.00918
Ruminococcus	6.420 %		0.02037 - 0.06008

## • Zalecenia



Stan zapalny jest kluczowym punktem w kontekście depresji. Zasadnicza strategia jest następująca:

- Leczenie przepuszczalności jelitowej
- Leczenie stanu zapalnego odpowiedzialnego za przekierowanie tryptofanu na szlak kynureninowy, neurotoksyczny szlak odpowiedzialny za depresję i lęki.
- Osoby z dysbiozą putrefaktywną są bardziej podatne na niedobór serotoniny. Mikrobiota nie zrównoważona w bakterie gnilne, takie jak clostridia, zużywa tryptofan i uniemożliwia jego przekształcenie w serotoninę.
- Zwiększ różnorodność za pomocą probiotyku bogatego w co najmniej 4 do 5 gatunków, aby mogły one dobrze współpracować, a nie w izolacji.



### Migdały

↑ Dialister



### Prawnik

↑ Dialister



### Siemię lniane

↓ Faecalibacterium, Ruminococcus



### Fasola biała

↓ Coprococcus, Ruminococcus



### Orzechy

↑ Dialister



### Czerwone mięso

↓ Bifidobacterium



## PREFEROWANA(E) DIETA(Y)

- dieta śródziemnomorska -Coproccoccus
- Dieta o wysokiej zawartości tłuszczów nasyconych -Lactobacillus
- Dieta wysokocukrowa -Lactobacillus

## PREFEROWANY(E) SKŁADNIK(I) ODŻYWCZY(E)

- Mieszanka Inuliny/FOS -Eubacterium

## SEN I GABA

Do poprawy

### • Wyjaśnienia

Sen jest złożoną funkcją, na którą wpływa i z kolei wpływa wiele czynników, w tym skład mikrobioty jelitowej. Na przykład produkcja maślanu, produktu ubocznego fermentacji błonnika przez bakterie jelitowe, jest cząsteczką, która służy jako sygnał wyzwalający sen.

### • Wyniki

Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Lactobacillus	0.716 %		0.00144 - 0.02086
Lactococcus	0.000 %		0.00028 - 0.00500
Akkermansia	0.442 %		> 0.00013
Faecalibacterium	10.675 %		0.00049 - 0.20988

### • Zalecenia

Na jakość Twojego snu wpływa wiele czynników. Na przykład ograniczać używki pod koniec dnia, a wieczorem jeść lekko. Relaks, kąpiel i położenie na brzuchu butelki z gorącą wodą pomogą Ci się odprężyć i poczuć lepiej.



#### Alkohol

Akkermansia



#### Siemię Iniane

Faecalibacterium



#### Olej kokosowy

Akkermansia



#### Olej słonecznikowy

Akkermansia



#### Czerwone mięso

Bifidobacterium

## PREFEROWANA(E) DIETA(Y)

- Dieta o wysokiej zawartości tłuszczów nasyconych -Lactobacillus
- Dieta wysokocukrowa -Lactobacillus
- Dieta bezglutenowa -Faecalibacterium

## PREFEROWANY(E) SKŁADNIK(I) ODŻYWCZY(E)

- Mieszanka Inuliny/FOS -Eubacterium



## NIETOLERANCJA FRUKTOZY/LAKTOZY

Do poprawy

### Wyjaśnienia

Fruktoza i laktoza należą do FODMAPs, krótkołańcuchowych węglowodanów, które są źle wchłaniane i fermentowane. Nietolerancja fruktozy i laktozy wiąże się z niedoborem enzymów i zaburzeniami wchłaniania jelitowego, a wszystko to prowadzi do licznych niedogodności. Pewne bakterie mogą pomóc nam lepiej trawić fruktozę i laktozę, a tym samym częściowo kompensować deficyty funkcjonalne gospodarza.

### Wyniki

Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Lactobacillus	0.716 %		0.00144 - 0.02086

### Zalecenia

Usuń ze swojej diety źródła laktozy i fruktozy, takie jak produkty mleczne (sery, jogurty, masło itp.) i owoce, a także żywność przemysłową, która je zawiera.



Przywrócenie ekosystemu jelitowego jest istotnym elementem w regulacji mechanizmów nietolerancji pokarmowej.



### Czerwone mięso

Bifidobacterium

### PREFEROWANA(E) DIETA(Y)

- Dieta o wysokiej zawartości tłuszczów nasyconych -Lactobacillus
- Dieta wysokocukrowa -Lactobacillus
- Dieta bezglutenowa -Faecalibacterium

### PREFEROWANY(E) SKŁADNIK(I) ODŻYWCZY(E)

- Mieszanka Inuliny/FOS -Eubacterium

## FERMENTACJA SUBSTRATÓW

Do poprawy

### Wyjaśnienia

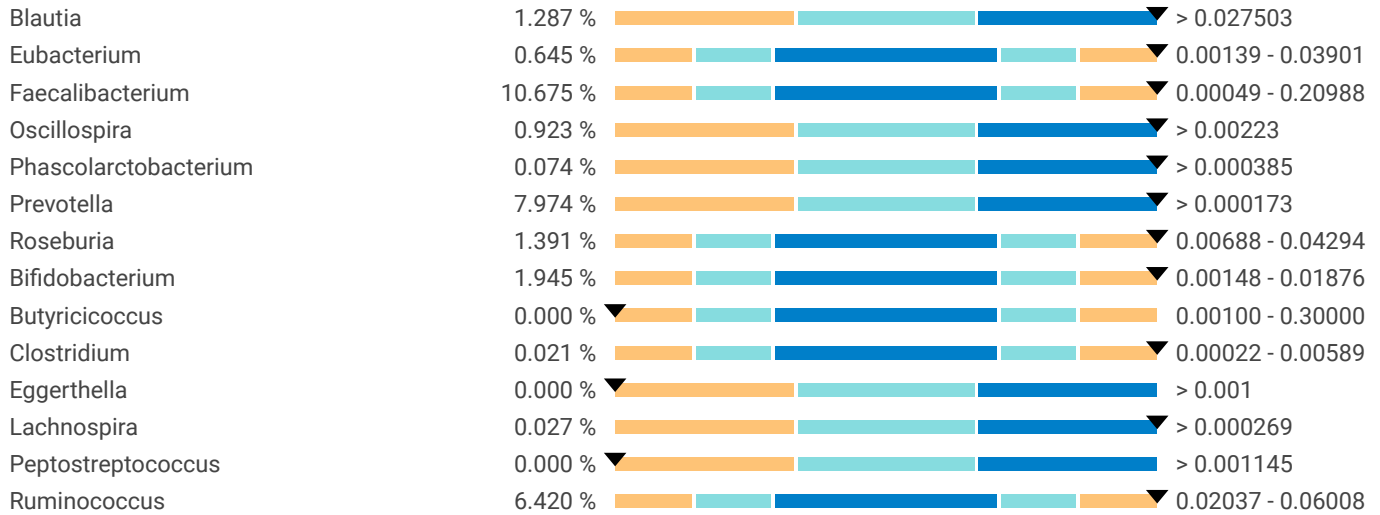
Niestrawiony błonnik w jelicie cienkim jest fermentowany przez mikrobiotę jelitową w okrężnicy. W wyniku ich fermentacji powstają m.in. krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe, cząsteczki biorące udział w wielu korzystnych funkcjach w organizmie.

WIDOK SZCZEGÓŁOWY



## • Wyniki

### Włókna : Dopuszczalne



### Białka i tłuszcze : Do poprawy



## ZARZĄDZANIE WAGĄ

### • Wyjaśnienia

Otyłość jest procesem wieloczynnikowym, w którym kluczową rolę odgrywa mikrobiota jelitowa. W szczególności bierze udział w metabolizmie energetycznym gospodarza, przyswajaniu składników odżywczych i kalorii. Sposób, w jaki pomaga trawić pokarm, jest równie ważny jak sam pokarm.

### • Wyniki

### Tendencja do przybierania na wadze : Do poprawy

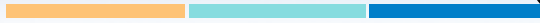


### Łatwa utrata wagi : Optymalne















Oscillospira 0.923 %  > 0.00223

## Regulacja apetytu : Optymalne

Lactobacillus	0.716 %		0.00144 - 0.02086
Blautia	1.287 %		> 0.027503
Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Alistipes	0.326 %		0.00237 - 0.01475
Coprococcus	1.050 %		0.01042 - 0.03770
Dorea	1.210 %		> 0.01618
Megasphaera	0.000 %		0.00151 - 0.12418
Veillonella	0.000 %		0.00025 - 0.30000

## PRODUKCJA WITAMIN

Do poprawy








### • Wyjaśnienia

Człowiek nie jest w stanie syntetyzować wszystkich witamin. Bakterie interweniują, aby wytworzyć witaminę B12 i witaminę K.

### • Wyniki







## Witamina B : Do poprawy

Niektóre bakterie jelitowe są szczególnie zaangażowane w syntezę witamin z grupy B i pomagają w uzupełnieniu diety. Witaminy z grupy B są ważnymi kofaktorami i koenzymami w kilku szlakach metabolicznych. Odgrywają również rolę w utrzymaniu homeostazy immunologicznej.

Bacteroides	1.076 %		< 0.00668
Prevotella	7.974 %		> 0.000173
Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Ruminococcus	6.420 %		0.02037 - 0.06008
Faecalibacterium	10.675 %		0.00049 - 0.20988
Lactobacillus	0.716 %		0.00144 - 0.02086
Clostridium	0.021 %		0.00022 - 0.00589

## Witamina K. : Do poprawy

Rodzina witamin K obejmuje różne formy, w tym K2, o której obecnie wiadomo, że ma największy potencjał zdrowotny. Występuje w różnych pokarmach i jest syntetyzowany endogennie przez niektóre bakterie jelitowe. Odgrywa istotną rolę w zdrowiu układu sercowo-naczyniowego poprzez zmniejszenie ryzyka zwapnienia tętnic i ograniczenie ryzyka krwawienia.

Lactococcus	0.000 %		0.00028 - 0.00500
Lactobacillus	0.716 %		0.00144 - 0.02086
Enterococcus	0.000 %		0.00041 - 0.03901
Leuconostoc	0.000 %		> 0.00030509
Streptococcus	0.000 %		0.00015 - 0.00126
Flavobacterium	0.000 %		> 0



## PRODUKCJA MAŚLANÓW

Do poprawy

### • Wyjaśnienia

Bakterie te pomagają naszym jelitom utrzymać nienaruszoną wyściółkę jelit, zmniejszają stan zapalny jelit, a nawet mogą hamować wzrost komórek rakowych i szkodliwych bakterii. Robią to pośrednio, wytwarzając maślan (krótkołańcuchowy kwas tłuszczowy) z błonnika pokarmowego. Ta substancja to prawdziwy cud; niewystarczające poziomy maślanu mogą sprzyjać nie tylko procesom zapalnym, ale także wielu chorobom jelit.

### • Wyniki

Anaerostipes	0.235 %		0.00364 - 0.01305
Coprococcus	1.050 %		0.01042 - 0.03770
Butyricoccus	0.000 %		0.00100 - 0.30000
Butyrivibrio	5.488 %		0.00080 - 0.16000
Eubacterium	0.645 %		0.00139 - 0.03901
Faecalibacterium	10.675 %		0.00049 - 0.20988
Roseburia	1.391 %		0.00688 - 0.04294
Ruminococcus	6.420 %		0.02037 - 0.06008

### • Zalecenia



#### Emulgator

Eubacterium



#### Siemię Iniane

Faecalibacterium, Ruminococcus



#### Fasola biała

Coprococcus, Ruminococcus

#### PREFEROWANA(E) DIETA(Y)

- dieta śródziemnomorska -Coprococcus
- Dieta o wysokiej zawartości białka zwierzęcego -Eubacterium
- Dieta bezglutenowa -Faecalibacterium

#### PREFEROWANY(E) SKŁADNIK(I) ODŻYWCZY(E)

- Mieszanka Inuliny/FOS -Eubacterium

## PRODUKCJA ACETATU

Do poprawy

### • Wyjaśnienia

To głównie bakterie Bacteroides, Veillonella, Alistipes, Bifidobacterium, Dorea i Coprococcus mogą wytwarzać z błonnika krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe, octan i propionian. Te produkty mikrobiologiczne są wykorzystywane przez nasz organizm i pełnią kilka zdrowych funkcji, takich jak regulacja apetytu, utrzymanie masy ciała, obniżenie poziomu cholesterolu we krwi, redukcja tłuszczu i ochrona jelit przed bakteriami wywołującymi choroby.



## • Wyniki

Akkermansia	0.442 %		> 0.00013
Prevotella	7.974 %		> 0.000173
Ruminococcus	6.420 %		0.02037 - 0.06008
Blautia	1.287 %		> 0.027503
Streptococcus	0.000 %		0.00015 - 0.00126
Alistipes	0.326 %		0.00237 - 0.01475
Bacteroides	1.076 %		< 0.00668
Bifidobacterium	1.945 %		0.00148 - 0.01876
Coprococcus	1.050 %		0.01042 - 0.03770

## • Zalecenia

<b>Alkohol</b> Akkermansia	<b>Migdały</b> Alistipes	<b>Słodzik</b> Prevotella	<b>Siemię lniane</b> Ruminococcus
<b>Fasola biała</b> Ruminococcus, Coprococcus	<b>Olej kokosowy</b> Akkermansia	<b>Olej słonecznikowy</b> Akkermansia	<b>Apple</b> Streptococcus
<b>Czerwone mięso</b> Bifidobacterium			

### PREFEROWANA(E) DIETA(Y)

- dieta śródziemnomorska -Coprococcus
- Dieta wegetariańska -Bacteroides
- Dieta bezglutenowa -Faecalibacterium

### PREFEROWANY(E) SKŁADNIK(I) ODŻYWCZY(E)

- Mieszanka Inuliny/FOS -Eubacterium

## PRODUKCJA PROPIONIANU

Do poprawy

## • Wyjaśnienia

Chemicznie jest to C<sub>2</sub>H<sub>5</sub>COO (sprzężona zasada kwasu propionowego). Proponian jest jednym z najważniejszych krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych wytwarzanych przez mikrobiotę jelitową człowieka w odpowiedzi na niestrawne węglowodany (stąd błonnik) w diecie. Badania medyczne potwierdzają, że proponian jest wytwarzany przez bakterie z rodzaju Bacteroides w jelicie i zapewnia pewną ochronę, zwłaszcza Salmonella. Inne badania pokazują, że proponian kwasu tłuszczowego może uspokoić komórki odpornościowe, które podnoszą ciśnienie krwi, chroniąc w ten sposób organizm przed szkodliwym wpływem wysokiego ciśnienia krwi.



## • Wyniki

Bacteroides	1.076 %		< 0.00668
caecae	0.000 %		> 0
eggerthii	0.000 %		> 0
uniformis	0.000 %		> 0.073
Phascolarctobacterium	0.074 %		> 0.000385
Dialister	0.000 %		> 0.00918
Coprococcus	1.050 %		0.01042 - 0.03770
Roseburia	1.391 %		0.00688 - 0.04294
Eubacterium	0.645 %		0.00139 - 0.03901
Akkermansia	0.442 %		> 0.00013

## • Zalecenia

<b>Alkohol</b> Akkermansia	<b>Migdały</b> Dialister	<b>Prawnik</b> Dialister	<b>Emulgator</b> Eubacterium
<b>Fasola biała</b> Coprococcus	<b>Olej kokosowy</b> Akkermansia	<b>Olej słonecznikowy</b> Akkermansia	<b>Orzechy</b> Dialister

### PREFEROWANA(E) DIETA(Y)

- dieta śródziemnomorska -Coprococcus
- Dieta o wysokiej zawartości białka zwierzęcego -Eubacterium
- Dieta wegetariańska -Bacteroides

### PREFEROWANY(E) SKŁADNIK(I) ODŻYWCZY(E)

- Mieszanka Inuliny/FOS -Eubacterium

## CUKRZYCA TYPU 2

Do poprawy

## • Wyjaśnienia

Cukrzyca typu 2 charakteryzuje się przewlekłą hiperglikemią, związaną głównie z insulinoopornością. Kluczową rolę w tej chorobie odgrywają genetyczne i/lub środowiskowe czynniki ryzyka, takie jak nawyki żywieniowe i brak aktywności fizycznej.

- Zaburzenie mikrobioty jelitowej wiąże się z cząsteczką, proprinotą imidazolową, która sprzyja rozwojowi cukrzycy typu 2. Wiadomo, że ta cząsteczka sprawia, że komórki stają się odporne na działanie insuliny.

- Mniejsza ilość bakterii produkujących maślan wiąże się z większym ryzykiem wystąpienia cukrzycy. Butyrate poprawia wrażliwość na insulinę.



## • Wyniki

### Korzystne bakterie : Do poprawy

Roseburia	1.391 %		▼ 0.00688 - 0.04294
Bifidobacterium	1.945 %		▼ 0.00148 - 0.01876
Oscillospira	0.923 %		▼ > 0.00223

### Potencjalnie szkodliwe bakterie : Do poprawy

Clostridium	0.021 %		▼ 0.00022 - 0.00589
-------------	---------	--	---------------------



## ZALECENIA DOTYCZĄCE PRODUKTÓW

Porady dotyczące stylu życia czasami nie wystarczają do poprawy niektórych wskaźników. Na przykład, regularna aktywność fizyczna nie musi zapewniać natychmiastowych korzyści dla wszystkich funkcji organizmu, na które wpływa. Podobnie w przypadku niektórych profili przyjęcie dobrej diety nie pozwala na skorygowanie wskaźników, czy to z powodu zubożenia minerałów śladowych w glebie, niezdolności organizmu do trawienia lub przekształcania pewnych cząsteczek itp. W tym kontekście suplementacja cieszy się dużym zainteresowaniem i znaczeniem. W ten sposób można odkryć swój spersonalizowany wybór produktów.

## SUPLEMENT(Y) DIETY



### PERMEAM'IN

Synergia glutaminy, spiruliny, roślin, włókien, nukleotydów ... która chroni integralność jelita dla lepszej odporności i wzmocnionych naturalnych mechanizmów obronnych.

Suplementy diety mogą być przedmiotem niewskazanych oświadczeń (dzieci, kobiety w ciąży lub karmiące piersią, osoby poddawane określonym zabiegom itp.). Przed zakupem sprawdź stronę produktu w sklepie.



scannez pour commander



### KOMPLEKS LIPOSOMOWY CRG

Kompleks MERIVA kurkumy i imbiru, który reguluje odpowiedź zapalną, a jednocześnie ma działanie antyoksydacyjne. Forma fitosomowa zapewnia optymalną biodostępność i wchłanianie.

Suplementy diety mogą być przedmiotem niewskazanych oświadczeń (dzieci, kobiety w ciąży lub karmiące piersią, osoby poddawane określonym zabiegom itp.). Przed zakupem sprawdź stronę produktu w sklepie.



scannez pour commander



### LIPOSOM WITAMINY C

Ta niezbędna witamina jest silnym przeciwutleniaczem, który działa w kontekście odporności i alergii, zwalczając agresywne czynniki i rozwijając naturalne mechanizmy obronne.

Suplementy diety mogą być przedmiotem niewskazanych oświadczeń (dzieci, kobiety w ciąży lub karmiące piersią, osoby poddawane określonym zabiegom itp.). Przed zakupem sprawdź stronę produktu w sklepie.



scannez pour commander



## PROBIOTYK



### P5

Mieszanka 7 szczepów bakterii dozowanych w ilości 20 miliardów CFU na kapsułkę, ekstrakt z cykorii i kurkumy, aby wspierać komfort trawienny. Bakterie te chronią barierę jelitową i tym samym przyczyniają się do dobrej przepuszczalności jelit.

Probiotyki mogą podlegać nieaktualnym oświadczeniom. Przed zakupem sprawdź stronę produktu w sklepie.



scanez pour commander



## LISTA BAKTERII

### Szczep

Nazwisko	Wartość	Nazwisko	Wartość
Bacteroidetes	11.259	Firmicutes	80.306
Proteobacteria	5.078	Verrucomicrobia	0.442
Synergistetes	0.758	Actinobacteria	2.055
Tenericutes	0.080	Candidatus Melainabacteria	0.021

### Klasa

Nazwisko	Wartość	Nazwisko	Wartość
Bacteroidia	11.179	Clostridia	73.911
Deltaproteobacteria	1.918	Bacilli	5.932
Gammaproteobacteria	0.573	Alphaproteobacteria	1.366
Betaproteobacteria	1.130	Verrucomicrobiae	0.442
Synergistia	0.758	Actinobacteria	1.972
Tissierellia	0.201	Erysipelotrichia	0.113
Flavobacteriia	0.080	Negativicutes	0.105
Coriobacteriia	0.056	Mollicutes	0.080
Rubrobacteria	0.027	Epsilonproteobacteria	0.090

### Oddział

Nazwisko	Wartość	Nazwisko	Wartość
Bacteroidales	11.134	Clostridiales	70.879
Desulfovibrionales	1.849	Thermosediminibacterales	2.109
Bacillales	5.216	Enterobacterales	0.573
Rhodobacterales	0.924	Burkholderiales	1.130
Eubacteriales	0.923	Verrucomicrobiales	0.442
Synergistales	0.758	Bifidobacteriales	1.945
Lactobacillales	0.716	Rhizobiales	0.093
Erysipelotrichales	0.113	Rhodospirillales	0.349
Desulfurellales	0.069	Tissierellales	0.076
Marinilibilliales	0.045	Flavobacteriales	0.080
Acidaminococcales	0.074	Eggerthellales	0.056
Acholeplasmatales	0.080	Rubrobacterales	0.027
Selenomonadales	0.031	Nautiliales	0.090
Vampirovibrionales	0.021	Cryptosporangiales	0.027

### Rodzina

Nazwisko	Wartość	Nazwisko	Wartość
Prevotellaceae	8.055	Clostridiales Family XVI. Incertae Sedis	0.061
Desulfomicrobiaceae	0.186	Christensenellaceae	2.472
Ruminococcaceae	26.578	Clostridiaceae	5.513
Thermosediminibacteraceae	2.109	Lachnospiraceae	19.140
Bacillaceae	5.188	Clostridiales Family XIII. Incertae Sedis	0.223
Enterobacteriaceae	0.573	Oscillospiraceae	3.223
Peptostreptococcaceae	0.584	Peptococcaceae	5.829
Hungateiclostridiaceae	1.900	Rhodobacteraceae	0.229
Comamonadaceae	0.570	Bacteroidaceae	1.076
Akkermansiaceae	0.442	Desulfovibrionaceae	1.663
Synergistaceae	0.758	Defluviitaleaceae	0.144
Clostridiales Family XII. Incertae Sedis	1.387	Sutterellaceae	0.560
Bifidobacteriaceae	1.945	Lactobacillaceae	0.716
Rikenellaceae	0.326	Odoribacteraceae	0.671





Hyphomonadaceae	0.695	Gracilbacteraceae	0.232
Rhodobiaceae	0.093	Tannerellaceae	0.339
Thermoactinomycetaceae	0.028	Erysipelotrichaceae	0.113
Catabacteriaceae	0.233	Rhodospirillaceae	0.349
Desulfurellaceae	0.069	Gottschalkiaceae	0.076
Barnesiellaceae	0.070	Marinilabiliaceae	0.045
Flavobacteriaceae	0.080	Acidaminococcaceae	0.074
Eubacteriaceae	0.671	Eggerthellaceae	0.056
Acholeplasmataceae	0.080	Rubrobacteraceae	0.027
Selenomonadaceae	0.031	Nautiliaceae	0.090
Heliobacteriaceae	0.031	Cryptosporangiaceae	0.027

## Gatunek

Nazwisko	Wartość	Nazwisko	Wartość
Prevotella	7.974	Carboxydocella	0.061
Desulfomicrobium	0.186	Christensenella	2.472
Faecalibacterium	10.675	Caloramator	1.401
Thermovenabulum	1.997	Anaerobutyricum	0.301
Hydrogenibacillus	0.238	Casaltella	0.045
Escherichia	0.544	Lachnospira	0.027
Coprococcus	1.050	Roseburia	1.391
Ruminococcus	6.420	Oscillibacter	1.091
Criibacterium	0.187	Mediterraneibacter	3.084
Desulfallas	5.670	Kineothrix	2.086
Hungatella	1.280	Phocea	0.045
Gemmiger	6.039	Flintibacter	2.369
Lysinibacillus	4.897	Pseudoflavonifractor	0.238
Butyrivibrio	5.488	Saccharofermentans	1.036
Blautia	1.287	Stappia	0.229
Fusicatenibacter	1.055	Comamonas	0.570
Bacteroides	1.076	Oscillospira	0.923
Dysosmobacter	1.208	Akkermansia	0.442
Dorea	1.210	Intestinibacter	0.128
Paludicola	0.157	Tepidibaculum	0.147
Desulfovibrio	1.663	Acetanaerobacterium	0.025
Tindallia	0.910	Parasporobacterium	0.203
Dethiosulfovibrio	0.216	Neglecta	0.333
Defluviitalea	0.144	Acidaminobacter	1.387
Alkaliphilus	0.870	Agathobaculum	0.108
Sutterella	0.560	Peptococcus	0.047
Bifidobacterium	1.945	Lactobacillus	0.716
Emergencia	0.076	Papillibacter	0.062
Monoglobus	0.093	Alistipes	0.326
Thermovirga	0.200	Thermotalea	0.557
Phocaeicola	0.596	Caproiciproducens	0.616
Anaerostipes	0.235	Culturomica	0.591
Henriciella	0.695	Anaerotruncus	0.125
Pseudoclostridium	0.283	Lachnoclostridium	0.416
Amphibacillus	0.027	Gracilbacter	0.232
Colidextribacter	0.117	Aminobacterium	0.173
Prevotellamassilia	0.080	Amorphus	0.093
Fretibacterium	0.037	Ercella	0.106
Parabacteroides	0.339	Hungateiclostridium	0.233
Sedimentibacter	0.042	Romboutsia	0.174
Robinsoniella	0.043	Aminipila	0.102
Anaeromassilibacillus	0.231	Thermanaerovibrio	0.039
Howardella	0.062	Fastidiosipila	0.052
Sporobacter	0.134	Novibacillus	0.028
Thermosediminibacter	0.075	Holdemanella	0.072
Harryflintia	0.159	Catabacter	0.233



Ethanoligenens	0.042	Anaerotignum	0.128
Marispirillum	0.080	Hydrogenoanaerobacterium	0.023
Negativibacillus	0.139	Intestinimonas	0.206
Thermobrachium	0.286	Falcatimonas	0.113
Desulfurella	0.069	Insolitispirillum	0.246
Gottschalkia	0.076	Barnesiella	0.070
Thermophagus	0.045	Tenacibaculum	0.049
Azospirillum	0.023	Caecibacterium	0.040
Phascolarctobacterium	0.074	Dethiosulfatibacter	0.083
Eubacterium	0.645	Eisenbergiella	0.027
Ruthenibacterium	0.076	Enterocloster	0.025
Denitrobacterium	0.056	Acholeplasma	0.080
Syntrophobotulus	0.085	Clostridium	0.021
Acutalibacter	0.025	Butyricimonas	0.031
Rubrobacter	0.027	Massilistercora	0.068
Thermovorax	0.037	Murimonas	0.177
Odoribacter	0.050	Hespellia	0.035
Megamonas	0.031	Polaribacter	0.031
Shigella	0.029	Caminibacter	0.030
Hydrogenispora	0.043	Acetitomaculum	0.080
Mageeibacillus	0.143	Geosporobacter	0.038
Alkalibaculum	0.026	Desulfohalotomaculum	0.027
Fournierella	0.037	Nautilia	0.061
Anaerobium	0.031	Lachnobacterium	0.057
Heliorestis	0.031	Anaerotaenia	0.064
Thermoclostridium	0.046	Faecalicatena	0.035
Vampirovibrio	0.021	Longibaculum	0.041
Beduini	0.037	Aminivibrio	0.093
Flavonifractor	0.056	Natranaerovirga	0.047
Cryptosporangium	0.027	Caldalkalibacillus	0.026

## Podgatunek

Nazwisko	Wartość	Nazwisko	Wartość
Prevotella oryzae	4.551	Carboxydocella thermautotrophica	0.061
Desulfomicrobium thermophilum	0.186	Christensenella sp. Marseille-P3954	0.186
Faecalibacterium prausnitzii	10.675	Caloramator mitchellensis	0.464
Thermovenabulum ferriorganovorum	1.997	Anaerobutyricum hallii	0.301
Hydrogenibacillus schlegelii	0.238	Casaltella massiliensis	0.045
Christensenella massiliensis	1.631	Escherichia coli	0.544
Lachnospira eligens	0.027	Coprococcus eutactus	0.310
Roseburia faecis	0.963	Coprococcus comes	0.631
Ruminococcus bromii	4.104	Oscillibacter ruminantium	0.379
Criibacterium bergeronii	0.187	Ruminococcus bicirculans	1.650
[Ruminococcus] faecis	2.778	Desulfallas gibsoniae	5.572
Desulfallas alcoholivorax	0.040	Kineothrix alysoides	2.086
Hungatella effluvii	0.725	Phocea massiliensis	0.045
Gemmiger formicilis	6.039	Flintibacter sp. KGMB00164	0.216
Lysinibacillus alkalisolii	4.897	Ruminococcus champanellensis	0.638
Pseudoflavonifractor capillosus	0.145	Butyrvibrio crossotus	5.488
Saccharofermentans acetigenes	1.036	Prevotella oralis	1.717
Blautia wexlerae	0.417	Stappia taiwanensis	0.154
Prevotella oris	1.305	Fusicatenibacter saccharivorans	1.055
Comamonas kerstersii	0.570	Bacteroides uniformis	0.323
Oscillospira guilliermondii	0.923	Dysosmobacter welbionis	1.208
Akkermansia muciniphila	0.442	Dorea longicatena	1.093
Intestinibacter bartlettii	0.128	Roseburia inulinivorans	0.261
Lachnospiraceae bacterium GAM79	0.417	Paludicola psychrotolerans	0.157
Tepidibaculum saccharolyticum	0.147	Caloramator indicus	0.296
Blautia obeum	0.448	Desulfovibrio piger	1.663
Acetanaerobacterium elongatum	0.025	Tindallia texcoconensis	0.467



Parasporobacterium paucivorans	0.203	Dethiosulfovibrio russensis	0.031
Neglecta timonensis	0.333	Defluviitalea raffinosedens	0.062
Acidaminobacter hydrogenoformans	1.387	Alkaliphilus crotonatoxidans	0.280
Agathobaculum butyriciproducens	0.108	Sutterella stercoricanis	0.033
Sutterella massiliensis	0.527	Dorea formicigenerans	0.117
Peptococcus niger	0.047	Bifidobacterium adolescentis	0.526
Coprococcus catus	0.109	Lactobacillus rogosae	0.716
Emergencia timonensis	0.076	Papillibacter cinnamivorans	0.062
Flintibacter butyricus	2.153	Monoglobus pectinilyticus	0.093
Alistipes onderdonkii	0.095	Thermovirga lienii	0.200
Thermotalea metallivorans	0.557	Phocaeicola coprocola	0.177
Christensenella timonensis	0.370	Bifidobacterium longum	1.354
Caproiciproducens sp. NJN-50	0.568	Christensenella minuta	0.285
Anaerostipes hadrus	0.235	Culturomica massiliensis	0.591
Henriciella pelagia	0.116	Alkaliphilus transvaalensis	0.253
Prevotella denticola	0.204	Stappia stellulata	0.038
Caproiciproducens galactitolivorans	0.048	Anaerotruncus rubiinfantis	0.064
Dethiosulfovibrio salsuginis	0.115	[Clostridium] leptum	0.103
Pseudoclostridium thermosuccinogenes	0.283	Bacteroides salyersiae	0.192
Hungateella hathewayi	0.555	Lachnoclostridium pacaense	0.192
Alkaliphilus hydrothermalis	0.265	Amphibacillus sediminis	0.027
Gracilibacter thermotolerans	0.232	Clostridiales bacterium CCNA10	0.473
Colidextribacter massiliensis	0.117	Aminobacterium colombiense	0.173
Prevotellamassilia timonensis	0.080	Amorphus coralli	0.093
Henriciella aquimarina	0.122	Fretibacterium fastidiosum	0.037
Ercella succinigenes	0.106	Oscillibacter sp. PEA192	0.659
Parabacteroides goldsteinii	0.124	Hungateiclostridium clariflavum	0.153
Sedimentibacter acidaminivorans	0.042	Defluviitalea saccharophila	0.083
Henriciella marina	0.124	Oscillibacter valericigenes	0.053
Romboutsia timonensis	0.174	Henriciella litoralis	0.109
Phocaeicola vulgatus	0.303	Robinsoniella peoriensis	0.043
Aminipila sp. JN-18	0.036	Anaeromassilibacillus senegalensis	0.231
Alkaliphilus metalliredigens	0.072	Thermanaerovibrio velox	0.039
Howardella ureilytica	0.062	Bifidobacterium faecale	0.029
Fastidiosipila sanguinis	0.052	Reptostreptococcaceae bacterium oral taxon 929	0.029
Sporobacter termitidis	0.134	Novibacillus thermophilus	0.028
[Ruminococcus] lactaris	0.196	Caloramator coolhaasii	0.292
Thermosediminibacter oceani	0.075	Holdemania biformis	0.072
Alistipes communis	0.066	Harrylintia acetispora	0.159
[Eubacterium] siraeum	0.344	Parabacteroides johnsonii	0.056
Bacteroides stercoris	0.336	Catabacter hongkongensis	0.233
Hungateiclostridium thermocellum	0.054	Ethanoligenens harbinense	0.042
Lachnospiraceae bacterium oral taxon 500	0.081	Anaerotignum faecicola	0.103
Alistipes megaguti	0.037	Caloramator proteoclasticus	0.350
Marispirillum indicum	0.080	Blautia faecis	0.212
Prevotella copri	0.068	Desulfallas geothermicus	0.058
Bacteroides clarus	0.131	Tindallia magadiensis	0.444
[Clostridium] fimetarium	0.153	Hydrogenoanaerobacterium saccharovorans	0.023
Negativibacillus massiliensis	0.139	Intestinimonas butyriciproducens	0.206
[Ruminococcus] torques	0.109	Clostridiales bacterium	0.146
Thermobrachium celere	0.286	Henriciella barbarendis	0.087
Ruminococcus albus	0.028	Falcatimonas natans	0.113
[Clostridium] cellulosi	0.101	Desulfurella acetivorans	0.047
Blautia producta	0.101	Parabacteroides merdae	0.130
Alistipes senegalensis	0.052	Henriciella algicola	0.137
Insolitispirillum peregrinum	0.246	Bifidobacterium breve	0.036
[Clostridium] viride	0.045	Gottschalkia purinilytica	0.076
Barnesiella intestinihominis	0.070	Thermophagus xiamenensis	0.045
Tenacibaculum maritimum	0.049	Azospirillum brasilense	0.023
Caecibacterium sporofomans	0.040	Phascolarctobacterium faecium	0.035
[Clostridium] hylemonae	0.046	Dethiosulfatibacter aminovorans	0.083
Roseburia hominis	0.124	Eubacterium ruminantium	0.046



Eisenbergiella massiliensis	0.027	[Clostridium] methylpentosum	0.074
Ruthenibacterium lactatiformans	0.076	Enterocloster asparagiformis	0.025
Blautia sp. SC05B48	0.109	Lachnospiraceae bacterium Choco86	0.029
Denitrobacterium detoxificans	0.056	Eubacterium ventriosum	0.064
Acholeplasma palmae	0.033	Syntrophobotulus glycolicus	0.085
Clostridium taeniosporum	0.021	Prevotella corporis	0.076
Acutalibacter muris	0.025	Butyricimonas phoceensis	0.031
Stappia indica	0.037	Roseburia intestinalis	0.043
Rubrobacter bracaraensis	0.027	Dethiosulfovibrio marinus	0.040
Massilistercora timonensis	0.068	Thermovorax subterraneus	0.037
Murimonas intestini	0.177	Odoribacter splanchnicus	0.050
Hespellia porcina	0.035	Eubacterium ramulus	0.179
Megamonas funiformis	0.031	Eubacterium coprostanoligenes	0.273
Polaribacter sejongensis	0.031	Anaerotignum lactatifermentans	0.024
Alistipes shahii	0.076	Shigella flexneri	0.029
Caminibacter profundus	0.030	Hydrogenispora ethanolica	0.043
Acetitomaaculum ruminis	0.080	Phascolarctobacterium succinatutens	0.039
Mageeibacillus indolicus	0.143	Geosporobacter ferrireducens	0.038
[Clostridium] thermoalcaliphilum	0.066	Pseudoflavonifractor phocaeensis	0.093
Alkalibaculum bacchi	0.026	Aminipila butyrica	0.066
Desulfohalotomaaculum tongense	0.027	Anaerotruncus colihominis	0.062
[Clostridium] polysaccharolyticum	0.025	Prevotella bryantii	0.024
Acholeplasma hippikon	0.047	Fournierella massiliensis	0.037
[Eubacterium] rectale	0.038	Nautilia nitratireducens	0.061
Eubacterium xylophilum	0.083	Anaerobium acetethylicum	0.031
Lachnobacterium bovis	0.057	Heliorestis acidaminivorans	0.031
Bacteroides caccae	0.041	Anaerotaenia torta	0.064
Thermoclostridium caenicola	0.046	Faecalicatena orotica	0.035
Vampirovibrio chlorellavorus	0.021	Hungateiclostridium cellulolyticum	0.027
Bacteroides ovatus	0.031	Longibaculum sp. KGMB06250	0.041
Beduini massiliensis	0.037	Aminivibrio pyruvatiphilus	0.093
Flavonifractor plautii	0.056	Desulfurella kamchatkensis	0.022
Natranaerovirga pectinivora	0.047	Phocaeicola plebeius	0.116
Parabacteroides distasonis	0.029	Bacteroides thetaiotaomicron	0.023
Prevotella timonensis	0.029	Cryptosporangium mongoliense	0.027
Caldalkalibacillus uzonensis	0.026	Dethiosulfovibrio acidaminovorans	0.031