

Ф.И.О. пациента:

Дата рождения пациента:

Пол:

Микробиом кишечника (метагеномное секвенирование 16S рРНК)

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.

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 пострадают.

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		
Для взрослого	Оптимальный	Ваш вариант
По Шеннону	3,1-4.2	4.153
По Пиелу ¹	Более 0,4	0.293
Кол-во родов	100-160	64

Индекс разнообразия — это количественный показатель, который отражает количество различных типов (например, видов) в наборе данных (сообществе) и который может одновременно учитывать филогенетические отношения между особями, распределенными между этими типами.

Индекс разнообразия Шеннона — это способ измерения разнообразия видов в сообществе. Чем выше значение, тем выше видовое разнообразие в конкретном сообществе. Чем меньше значение, тем меньше разнообразие. Значение = 0 указывает на сообщество, состоящее только из одного вида.

Индекс Пиелу (E) указывает, насколько относительная численность особей при данном количестве видов распределена в сообществе равномерно. Низкие значения показателя свидетельствуют о дисбалансе, демонстрирующем наличие таксонов, резко отличающихся по количеству особей.

Существует несколько причин снижения микробного разнообразия и изменения состава микробиома:

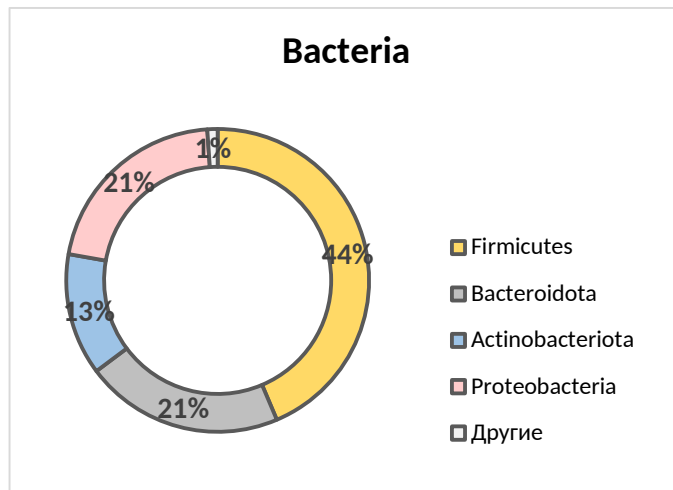
¹ МР 2.3.1.0253-21. 2.3.1. Гигиена питания. Рациональное питание. Нормы физиологических потребностей в энергии и пищевых веществах для различных групп населения Российской Федерации. Методические рекомендации" (утв. Главным государственным санитарным врачом РФ 22.07.2021)

- Западный тип диеты с большим содержанием простых сахаров, насыщенных жиров, красного мяса, консервантов, подсластителей и низким содержанием растительной клетчатки, ферментированных продуктов, а также однообразное питание.
- Бесконтрольное использование антибиотиков, которые резко снижают популяции наших полезных (пробиотических) бактерий, вплоть до полного исчезновения некоторых ключевых родов.
- Длительный прием лекарственных препаратов:
 - ингибиторов протонной помпы (ИПП)
 - нестероидных противовоспалительных препаратов (НПВП)
 - оральных контрацептивов (КОК)
 - антибиотиков
 - статинов
 - антигипертензивных препаратов
 - антидепрессантов и нейролептиков
 - противоопухолевая терапия
 - противовирусная терапия
 - противопаразитарная терапия
- Низкая физическая активность, малоподвижный образ жизни. Известно, что физические упражнения способствуют усиленному синтезу 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.

Соотношение основных типов

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %
Firmicutes	43,5807
Bacteroidota	21,1520
Actinobacteriota	12,9999
Verrucomicrobiota	0,1614
Proteobacteria	21,1099
Desulfobacterota	0,1193
Euryarchaeota	0.0
Сyanobacteria	0.0
Campilobacterota	0.0
Fusobacteriota	0,7156
Incertae_Sedis	0.0
Patescibacteria	0,0842
Spirochaetota	0.0
Synergistota	0.0
Thermoplasmatota	0.0
Unclassified	0,0140



Соотношение типов бактерий

Состав наших кишечных микробов прямо и косвенно влияет на наше состояние здоровья. Штаммы доминирующих бактерий кишечной флоры человека на уровне Firmicutes и Bacteroides, но субдоминантных уровнях, Представители актинобактерий, фузобактерий и веррукомикробий. Высокий коэффициент обычно сочетается с более низким индексом массы тела, в то время как низкий показатель обычно является ожирением. Диета с высоким содержанием клетчатки увеличивается, в то время как диета с высоким содержанием белка и жира обычно снижает этот показатель.

Соотношение	Оптимум	Ваш вариант
Bacteroidota/Firmicutes	1,7-6,0 ²	0,49

Соотношение видов

Соотношение	Оптимум	Ваш вариант
Bacteroides fragilis/Faecalibacterium prausnitzii	Не более 1,3	0,00

² МР 2.3.1.0253-21. 2.3.1. Гигиена питания. Рациональное питание. Нормы физиологических потребностей в энергии и пищевых веществах для различных групп населения Российской Федерации. Методические рекомендации" (утв. Главным государственным санитарным врачом РФ 22.07.2021)

Firmicutes

Тип домена бактерии; в преобладающем большинстве представители характеризуются низким процентом гуанина и цитозина в ДНК пар (ниже 50 %) и строением клеточной стенки, характерным для грамположительных бактерий. *Firmicutes* в кишечной микробиоте могут ферментировать углеводы в различные короткоцепочечные жирные кислоты (SCFA), недостаток SCFA может привести к снижению кишечной барьерной функции.

Bacteroidetes

Тип грамотрицательных бактерий, населяющий желудочно-кишечный тракт, играет ведущую роль среди бактерий в поддержании гомеостаза. Определенная роль приписана некоторым родам Bacteroidetes в развитии иммунной дисрегуляции, неврологических расстройств и системных заболеваний, таких как метаболический синдром.

Actinobacteria

Тип грамположительных бактерий, характеризующийся высоким содержанием гуанина и цитозина в ДНК, и характерной нитчатой морфологией. Некоторые представители группы способны подавлять рост патогенных бактерий, участвуют в защитной функции стенок кишечника.

Proteobacteria

Тип грамотрицательных бактерий, включающий в себя широкий спектр патогенных родов, таких как *Escherichia*, *Salmonella*, *Vibrio*, *Helicobacter*, *Yersinia*, *Legionellales* и многие другие.

Fusobacteria

Тип полиморфных грамотрицательных, анаэробных неспорообразующих бактерий. Часто имеют форму толстых длинных палочек с заостренными концами размером 0,5—1 на 2—3 мкм, не имеют жгутиков и не образуют спор и капсул. Фузобактерии входят в состав нормальной микрофлоры верхних дыхательных путей, желудочно-кишечного тракта и урогенитального тракта.

Verrucomicrobia

Тип грамотрицательных бактерий, у многих из которых на поверхности имеются простеки (бугорки), за что тип и получил своё название. Клетки — палочковидные, овоидные, одиночные или в парах, веретеновидные. Бактерии из данной группы участвуют в барьерной функции кишечника.

Функции микробиома

- **Пищеварительная.** В организме человека нет ферментов для расщепления растительной клетчатки. Эту функцию выполняют в основном бактерии типа Firmicutes. В процессе расщепления они производят ряд важных метаболитов, таких как витамины и жирные кислоты с короткой цепью (SCFA). Бактерии также помогают в расщеплении белков, жиров и углеводов, участвуют в метаболизме глютена и лактозы, облегчая симптомы лактазной недостаточности и целиакии.
- **Метаболическая.** Синтез важнейших бактериальных метаболитов: КЦЖК, витаминов, нейромедиаторов.
- **Защитная (барьерная).** Формирование колонизационной резистентности путем конкурентного исключения патогенов, синтез бактериоцинов, интерферонов, выработка интерлейкинов, IL10, стимуляция развития лимфоидного аппарата кишки у новорожденных. Синтез IgA- мукозальный иммунитет. Взаимодействие пристеночной микробиоты и эпителия обеспечивает присоединение секреторного компонента к Ig A. При этом происходит блокировка прикрепления патогенных бактерий к эпителиальным клеткам и активизируется синтез лизоцима.
- **Иммуномодулирующая.** Основные механизмы обеспечивают бифидо, лакто и бутират производящие бактерии. Колонизация бактериями эпителия кишечника при взаимодействии на поверхности М-клеток пейеровых бляшек приводит к стимуляции лимфоидной ткани, усилению врожденных иммунных реакций клеточного и гуморального иммунитета, активации продукции цитокинов. КЦЖК взаимодействуют с Treg (супрессорами) создают иммунологическую толерантность, препятствуют возникновению аутоиммунных заболеваний и аллергий.
- **Регуляторная.** Созревание и функционирование иммунной системы, регуляция эндокринной системы кишечника. формирование и регуляция ЦНС. Регуляция работы оси «кишечник-мозг»
- **Антистрессорная.** Некоторые виды Бифидо, Лактобактерий и ряд других бактерий являются психобиотиками. Данные бактерии способны улучшать психоэмоциональное состояние, снижать беспокойство и тревогу, изменяя экспрессию рецепторов нейромедиаторов: ГАМК, дофамина, серотонин, окситоцина.
- **Антиканцерогенная.** Бутират бактерий действует как ингибитор HDAC, модулирует экспрессию генов, регулирующий клеточный цикл и активирующий апоптоз в раковых клетках толстой кишки, подавляет канцерогенез.

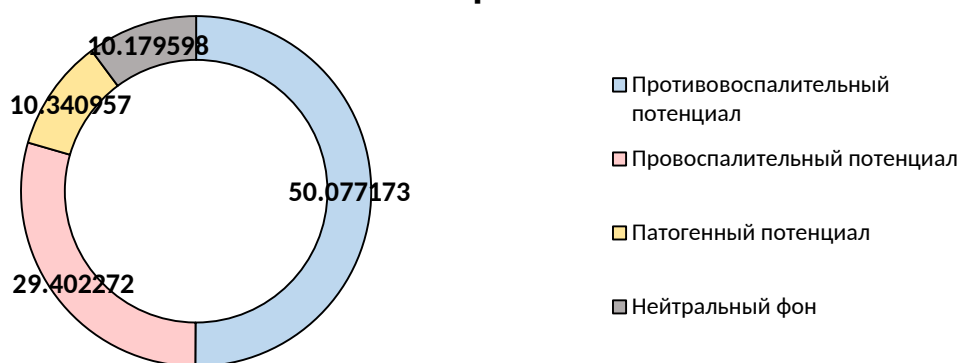
Функциональный потенциал представителей кишечной микробиоты³

Противовоспалительный потенциал		Провоспалительный потенциал		Патогенный потенциал	
Апатогенные, проявляющие защитные, регуляторные и пробиотические свойства		Сапрофитные и условно-патогенные, проявляющие протеолитические, гемолитические свойства, способность к продукции токсических факторов		Облигатно патогенные, обладающие паразитическими, инвазивными свойствами и факторами агрессии	
Бактерия род/вид	%	Бактерия род/вид	%	Бактерия род/вид	%
Firmicutes					
Roseburia	0,0	Staphylococcus	0,08	Listeria monocytogenes	0,0
Roseburia hominis	0,0	Listeria	0,0	Bacillus anthracis	0,0
Faecalibacterium	5,14	Streptococcus pyogenes	0,0	Bacillus cereus	0,0
Faecalibacterium prausnitzii	4,68	Streptococcus pneumoniae	0,0	Clostridium perfringens	0,0
Lactobacillus	1,66	Enterococcus faecalis	0,0	Clostridium difficile	0,0
Lactococcus	0,0	Enterococcus faecium	0,0	Clostridium tetani	0,0
Leuconostoc	0,0	Blautia	1,03	Clostridium septicum	0,0
Streptococcus thermophilus	0,0	Parvimonas micra	0,0		
Pediococcus	0,0	Veillonella	6,24		
Ruminococcus	0,32	Peptococcus	0,0		
Eubacterium	0,0	Lachnoclostridium	1,83		
Coprococcus	0,82				
Enterococcus durans	0,0				
Bacteroidetes					
Bacteroides xylanisolvens	0,0	Prevotella	1,45		
Bacteroides vulgatus	2,55	Alistipes	0,29		
Bacteroides uniformis	1,14	Bacteroides fragilis	0,0		
Bacteroides dorei	0,0	Bacteroides helcogenes	0,0		
Bacteroides stercoris	0,0	Bacteroides salanitronis	0,0		
Bacteroides coprocola	0,0	Parabacteroides	0,34		
Bacteroides finegoldii	0,29	Barnesiella intestinihominis	0,0		
Bacteroides intestinalis	0,0				
Bacteroides thetaiotaomicron	9,83				
Parabacteroides distasonis	0,0				
Candidatus arthromitus	0,0				
Proteobacteria					
Escherichia/Shigella	10,34	Sutterella	0,18	Yersinia	0,0
Escherichia coli	0,0	Edwardsiella	0,0	Vibrio	0,0

³ МР 2.3.1.0253-21. 2.3.1. Гигиена питания. Рациональное питание. Нормы физиологических потребностей в энергии и пищевых веществах для различных групп населения Российской Федерации. Методические рекомендации" (утв. Главным государственным санитарным врачом РФ 22.07.2021)

Wolinella	0,0	Enterobacter	0,58	Vibrio cholerae	0.0
		Bilophila	0,12	Helicobacter	0.0
		Pseudomonas	0,06	Helicobacter pylori	0.0
		Klebsiella	7,53	Campylobacter	0.0
		Citrobacter	0.0	Campylobacter coli	0.0
		Serratia	0.0	Campylobacter jejuni	0.0
		Cronobacter	0.0	Campylobacter lari	0.0
		Escherichia/Shigella	10,34	Escherichia/Shigella	10,34
		Campylobacter	0.0	Escherichia coli	0.0
		Sulfurospirillum	0.0	Salmonella	0.0
		Pasteurellaceae	0.0		
		Burkholderia	0.0		
		Haemophilus	0,12		
Actinobacteria					
Bifidobacterium	6,75	Atopobium	0.0		
		Atopobium species	0.0		
		Propionibacterium	0.0		
		Collinsella	4,74		
		Collinsella intestinales	0.0		
Verrucomicrobia					
		Akkermansia	0,16		
		Akkermansia muciniphila	0,16		
Euryarchaeota					
		Methanobrevibacter	0.0		
		Methanobrevibacter smithii	0.0		
Fusobacteria					
		Fusobacterium	0,72		
Противовоспалительный потенциал		Провоспалительный потенциал		Патогенный потенциал	
50,08		29,40		10,34	

Функциональный потенциал представителей кишечной микробиоты



Представители кишечной микробиоты

Бактерии

Бактерия		Среднее значение в популяции и %	Описание рода бактерий/Функциональное значение	Ваш вариант, %
Тип	Род			
Бактерии-производители бутирата				
Bacillota ⁴	Anaerobutyricum	0.0	Бутират-продуцент. Конвертация лактат-ацетата и сахара в бутират	
Bacillota	Anaerostipes	0.021-0.20	- синтез масляной кислоты - протективный эффект в отношении КРР	
Bacillota	Agathobacter	0.21-3	-синтез бутирата	
Bacillota	Butyricoccus	0.001-0.02	- синтез масляной кислоты	
Bacteroidota	Butyricimonas	0.001-0.50	- синтез масляной кислоты	
Bacillota	Coprococcus	0.001-1	- расщепляют разные виды волокон- производство масляной кислоты -высокое содержание ассоциировано с низким индексом массы тела и высоким разнообразием микробиоты.	
Bacillota	Eubacterium	0.021-50	- синтез масляной кислоты - синтез витамина B12 - синтез реутерина (антимикробное в- во)	
Bacillota	Faecalibacterium	4.01-10	- контроль воспалительных процессов -поддержка кишечного барьера -иммуномодулирующая функция -противоопухолевая защита, подавляет канцерогенез -способна расщеплять сложные углеводы, например пектин -резко снижена у пациентов с ВЗК, болезнью Крона, метаболическим синдромом, также на западной диете, после антибиотиков и после перенесённого COVID-19	
Bacillota	Flavonifractor	0.16-50	- синтез масляной кислоты	
Bacillota	Lachnospira	0.001-2	- синтез масляной кислоты	
Bacteroidota	Odoribacter	0.001-1.0	- синтез масляной кислоты	

⁴ Бывший тип Firmicutes

Bacillota	Roseburia	0.51-1.5	-контроль воспалительных процессов -поддержка кишечного барьера -иммуномодулирующая функция -противоопухолевая защита, подавляет канцерогенез	
Bacillota	Subdoligranulum	0.5 - 2.5	- синтез масляной кислоты	
Бактерии- производители ацетата, пропионата, сукцината				
Verrucomicrobiota	Akkermansia	0.021-3	- живет в слизистом слое кишечника, играет важную роль в регулировании оборота слизи в кишечнике, поддерживает слизистый барьер -является биомаркером здорового метаболизма, улучшает гомеостаз глюкозы, липидов крови -повышается при потреблении фруктоолигосахаридов, полифенолов, проантоцианидов, приеме некоторых лекарств, а также нарушении целостности кишечного барьера, избыточном производстве слизи и некоторых нейродегенеративных заболеваниях -производит пропионат и ацетат -поддерживает слизистый барьер кишечника -улучшает гомеостаз глюкозы, липидов крови Повышается при длительном голодании, нарушении целостности кишечного барьера, приеме метформина и некоторых нейродегенеративных заболеваниях как компенсаторный механизм	
Bacteroidota	Alistipes	1.01-5	- производит ацетат, сукцинат, ГАМК. 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, Низкие значения ассоциированы с патологиями печени.	
Bacteroidetes	Bacteroides	10.01-25	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	

Bacillota	Blautia	0.001-1	<p>- производит ацетат расщепляет сложные углеводы</p> <p>Высокие значения некоторых видов были ассоциированы с нарушением метаболизма глюкозы.</p> <p>- преобразование желчных кислот</p>
Bacillota	Dorea	0.001-0.50	<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 Blautia, которые производят ацетат, поэтому 2 бактерии обычно встречаются вместе.</p>
Bacteroidota	Parabacteroides	0.51-2.5	<p>Нормальная микрофлора кишечника. Некоторые виды могут вызывать инфекции.</p> <p>Повышена представленность некоторых видов рода Parabacteroides, которые могут быть связаны с плохим здоровьем кишечника и сердечно-сосудистыми заболеваниями, а также ассоциированы с диетой с пониженным содержанием фруктов и овощей.</p> <p>Пониженная представленность данного вида может быть ассоциирована с Рассеянным склерозом.</p>
Bacillota	Phascolarctobacterium	0.10-3	<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. Повышенное содержание остаточного жира в пищеварительном тракте может способствовать размножению данных бактерий.</p>
Bacteroidetes	Prevotella	0.011-5	<p>-встречается в незападных популяциях и связан с диетой минимально обработанной пищей с высоким содержанием клетчатки,</p> <p>-нормализует обмен глюкозы, - защищает от колоректального рака. Некоторые виды</p>

			Превотеллы могут использовать в качестве источников топлива и клетчатку, и белок. В зависимости от вашей диеты и	
Firmicutes	Ruminococcus	0.051-1.5	-отвечают за расщепление резистентного крахмала, бобовых, а также способствуют выделению ацетата. Некоторые представители данного рода могут способствовать развитию воспалительных заболеваний кишечника при неблагоприятных условиях	
Бактерии, продуцирующие валерат (валериановую кислоту)				
Bacillota	Oscillibacter	0.001-0.25	-продуцирует преимущественно валерат при выращивании на источнике углерода глюкозы Ассоциирован с ожирением.	
Бактерии, продуценты молочной кислоты				
Actinomycetota	Bifidobacterium	0.11-3	-сдерживание роста патогенов -синтез аминокислот, витаминов группы В -превращают лактозу в молочную кислоту -активируют синтез иммуноглобулинов -снижают риск аллергии -контроль воспаления -усиление всасывания витамина D - метаболизм глютена -метаболизм лактозы	
Actinomycetota	Collinsella	0.001-1.5	Collinsella aеofaciens ферментируют глюкозу, маннозу, галактозу, фруктозу, мальтозу и лактозу. Продуцируют H ₂ , этанол, муравьиную и молочную кислоты (формиаы и лактаты). Имеются данные, что у больных с СРК Collinsella понижена Согласно некоторым исследованиям Collinsella aеofaciens ассоциируются с колоректальным раком	
Bacillota	Enterococcus	0.001-0.02	Энтерококки входят в состав нормальной микрофлоры желудочно-кишечного тракта человека и многих позвоночных, играют важную роль в обеспечении колонизационной резистентности слизистой оболочки - метаболизм лактозы - метаболизм молочной кислоты - пробиотические свойства (некоторые штаммы) - условно-патогенные виды/штаммы	
Firmicutes	Lactobacillus	0.001-0.020	Большинство присутствующих в кишечнике лактобацилл являются транзиторными, полученными из ферментированной пищи, пробиотиков или более проксимальных частей ЖКТ.	

			- доминируют в верхних отделах желудочно-кишечного тракта -отсутствуют либо присутствуют в стуле многих людей в очень низком значении (менее 0,02%). Это вариант нормы. Лактобациллы обладают противовоспалительной, иммуномодулирующей функцией. Участвуют в метаболизме глютена и лактозы.	
Bacillota	Lactococcus	0.001 - 0.020	-противовоспалительная -иммуномодулирующая	
Бактерии, препятствующие колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками				
Bacteroidota	Barnesiella	0.001-2.5	-препятствуют колонизации кишечника патогенными внутрибольничными бактериями -повышает эффективность иммуномодулирующей терапии при некоторых видах рака	
Бактерии, продуцирующие сероводород				
Pseudomonadota	Bilophila	0.001-0.40	-фактор риска воспаления -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. Повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот и изменению метаболического профиля.	
Thermodesulfobacteriota	Desulfovibrio	0.001-0.20	-фактор риска воспаления, производит цитотоксичный сероводород, ассоциируется с несколькими клиническими состояниями, такими как воспалительные заболевания кишечника и невоспалительные заболевания кишечника. Повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот и изменению метаболического профиля	
Firmicutes	Erysipelatoclostridium	0.001-0.10	Типичный представитель Erysipelatoclostridium ramosum (ранее Clostridium ramosum) принадлежит к комменсальной микробиоте, лишь в редких случаях играет патогенную роль, приводя к инвазивным инфекциям, чаще всего у детей и пожилых людей с ослабленной иммунной системы -может производить сероводород -изучается его патофизиологическая роль в развитии метаболических	

			изменений	
Бактерии, обладающие протективным потенциалом (некоторые виды данных родов)				
Bacillota	Christensenella	0.001-0.02	-препятствует ожирению и набору веса -снижает риск сердечно-сосудистых заболеваний, метаболического синдрома и СД 2 типа - ассоциирована с пониженным уровнем триглицеридов в крови, повышенными уровнями ЛПВП	
Бактерии, обладающие патогенным потенциалом (некоторые виды данных родов)				
Pseudomonadota	Campylobacter	0.001-0.02	Острые воспалительные заболевания кишечника, энтероколиты, проктоколиты	
Pseudomonadota	Citrobacter	0.001-0.02	Цитробактер является одной из самых частых причин внутрибольничных ангиогенных инфекций и инфекций мочевыводящих путей. Цитробактер способен вызывать вспышки гастроэнтеритов и токсикоинфекций, внутрибольничные инфекции, менингиты, абсцессы мозга, урологические заболевания, гнойные инфекции и сепсис у детей и взрослых людей	
Firmicutes	Clostridium_sensu_stricto_1	0.001-0.10	Большинство клостридий не патогенны, но некоторые виды клостридий могут быть причиной различных болезней человека, часть которых протекает тяжело и может приводить к летальному исходу. В частности, клостридии вида Clostridium botulinum могут быть причиной ботулизма, Clostridium tetani — столбняка, Clostridium perfringens, Clostridium novyi, Clostridium oedematiens и Clostridium septicum — газовой гангрены. Клостридии могут вызывать заболевания мочеполовых органов человека, в частности, острый простатит.	
Pseudomonadota	Escherichia/Shigella	0.001-0.50	Escherichia spp. выделяются при диарее, сахарном диабете, колоректальном раке, эндометрите, титр эшерихий повышается при хронической болезни почек: пиелонефрите, инфекции мочевых путей, простатите; при холецистите, спонтанном бактериальном перитоните, воспалительных заболеваниях кишечника (ВЗК) Shigella spp/ выделяют при дизентерии	
Actinomycetota	Eggerthella	0.001-0.10	Является нормальной микрофлорой желудочно-кишечного тракта человека. Бактерии вида Eggerthella lenta были выделены из ряда абсцессов, из тканей аппендикса,	

			перитонеальной жидкости и опухолей кишечника. Они часто участвует в смешанных инфекциях с менее сложно обнаруживаемыми бактериями. Eggerthella spp. также ассоциируются с бактериальным вагинитом женщин	
Pseudomonadota	Enterobacter	0.0	Внутрибольничные ангиогенных инфекции и инфекций дыхательных и мочевыводящих путей.	
Fusobacteriota	Fusobacterium	0.021-50	Некоторые виды фузобактерий являются условно-патогенными и при иммунодефицитах могут вызывать вторичные гангренозные и гнойно-гангренозные процессы. При ангине, герпетическом стоматите, гипотрофии у детей, при иммунодефицитных состояниях возможно развитие фузоспирохетоза — некротического воспалительного процесса на миндалинах, слизистой оболочки полости рта. Биомаркер КРР.	
Pseudomonadota	Haemophilus	0.001-0.15	Haemophilus spp. выделяются при синдроме раздражённого кишечника (СРК) с диареей, эзофагите, пищеводе Барретта, бронхиальной астме; Haemophilus influenzae – при пневмонии, синуситах, менингитах, отитах, артритах	
Pseudomonadota	Klebsiella	0.001-0.02	Является представителем нормальной микрофлоры кишечника человека. В то же время, клебсиелла может вызывать ряд заболеваний: острый гастрит, кишечные инфекции, внебольничные пневмонии, поражение слизистых оболочек носа и верхних дыхательных путей, бронхиальная астма, острый и хронический простатит, цистит, пиелонефрит.	
Bacillota	Peptococcus		Пептококки выделяются при воспалительных процессах: аппендиците, плеврите, тонзиллите, послеродовой септицемии и других, как правило, вместе с другими микробами. При кариесе, пульпите, парадонте они чаще встречаются в ассоциациях с фузобактериями и спирохетами.	
Pseudomonadota	Proteus	0.0001-0.2	Три вида из рода протей — Proteus mirabilis, Proteus vulgaris и Proteus repperei являются патогенными для человека, причем 75–90 % инфекций вызывает Proteus mirabilis. Наиболее часто острые кишечные инфекции, вызываемые протеем, встречаются у детей раннего возраста: ослабленных или с пониженным иммунитетом. Причиной протейной инфекции также может быть бесконтрольный прием антибиотиков. Заболевание обычно протекает в виде гастроэнтерита, гастрита и	

			<p>колиэнтерита. Очень часто острые кишечные протейные инфекции сопровождается повышением температуры, рвотой, нарушением аппетита, кратковременными судорогами, наблюдается также изменение характера стула и его учащение.</p> <p>Бактерии рода протей, наряду с другими микроорганизмами, могут вызывать заболевания мочевыводящих путей и почек человека, в частности, острый и хронический простатит, цистит, пиелонефрит, в том числе большинство ксантогранулематозных пиелонефритов. <i>Proteus mirabilis</i> является причиной раневых инфекций. <i>Proteus vulgaris</i> присутствует в кишечнике здорового человека и многих животных, он обнаруживается в навозе, почве и загрязненных водах.</p> <p><i>Proteus</i> spp. высевается из тканей анального канала у больных с хронической анальной трещиной. <i>Proteus</i> spp. ассоциируются с воспалительными заболеваниями кишечника (ВЗК) и целиакией (<i>Proteus mirabilis</i>), острым гастроэнтеритом, хронической анальной трещиной, простатитом, циститом, пиелонефритом</p>	
Pseudomonadota	Pseudomonas	0	<p>- Гнойно-воспалительные процессы</p> <p>- Острый простатит</p>	
Pseudomonadota	Salmonella	0	Брюшной тиф, паратиф А, В и С, сальмонеллез	
Bacillota	Staphylococcus	0.001-0.1	Стафилококки ассоциируются с целиакией и воспалительными заболеваниями кишечника (ВЗК), сепсисом, ринитом, астмой, атопическим дерматитом (<i>Staphylococcus aureus</i>), ассоциированной с антибиотиками диареей (<i>Staphylococcus aureus</i>), угревой сыпью, эндометритом	
Bacillota	Streptococcus	0.001-0.50	Среди стрептококков есть и возбудители различных болезни человека, и представители нормальной микрофлоры, обитающей в ротовой полости, желудочно-кишечном тракте, мочеполовых и дыхательных путях, и широко применяемые в пищевой и фармацевтической промышленности штаммы. Стрептококки ассоциированы с бронхиальной астмой, рассеянным склерозом; титры стрептококков уменьшаются при болезни Крона и повышаются при колоректальном	

			раке (Streptococcus bovis), атрофическом гастрите, раке желудка; Streptococcus pneumoniae ассоциирован с аденокарциномой пищевода	
Actinomycetota	Rothia	0.0001-0.7	- представитель нормальной флоры кишечника. Может быть причиной оппортунистических инфекций. Rothia выявлены у больных целиакией	
Bacillota	Ruthenibacterium		- лактат-продуцент Ассоциирован с рематоидным артритом. Повышенные значения наблюдаются при РС - связан с эффективностью лечения при колоректальном раке	
Spirochaetota	Treponema		Некоторые виды – Treponema, являются возбудителями заболеваний	
Pseudomonadota	Yersinia	0-0	Yersinia enterocolitica — возбудитель иерсиниоза (острого инфекционного заболевания, поражающего преимущественно желудочн о-кишечный тракт, с тенденцией к генерализованному поражению различных органов и систем). Yersinia pestis — возбудитель чумы, Yersinia pseudotuberculosis — возбудитель псевдотуберкулеза	
Бактерии, преобразователи желчных кислот				
Bacillota	Enterocloster	0-0	- преобразование желчных кислот	
Бактерии, утилизирующие оксалаты				
Pseudomonadota	Oxalobacter	0.001-0.029	-разрушает оксалаты, снижает абсорбцию оксалатов в просвете толстой кишки -предотвращает гипероксалурию -снижает риск образования оксалатных камней в почках - высокий уровень может быть связан с избытком оксалатов в пище	
Бактерии, продуцирующие уrolитины				
Actinomycetota	Gordonibacter	0.001-0.02	-преобразовывают пищевые полифенолы-эллагитаниннины, которые содержатся в гранате, малине, грецких орехах в биоактивное вещество Уролитин-А, который стимулирует митохондриальный биогенез. -данные бактерии могут расти на других фенолах (кофеиновая, розмариновая, хлорогеновая кислота) и повышаются при потреблении кофе.	

Археи

Археи		Среднее значение %	Функциональное значение	Ваш вариант, %
Тип	Род			
Archaea	Methanobrevibacter	0,0001-0,01	Данный архей встречается у людей с повышенным метаболизмом, у профессиональных спортсменов, на диетах с высоким содержанием углеводов и у пациентов с СРК, метеоризмом. -превращает водород и углекислый газ в метан, помогает бактериям расщеплять пищевые волокна - участвует в регуляции пищевого поведения и чувства голода. Увеличенное время прохождения каловых масс в толстой кишке увеличивает время роста архей -избыточное количество архея коррелирует с кишечными расстройствами, включая синдром раздраженного кишечника (СРК) и запоры, а также метеоризм	0.0
Archaea	Methanosphaera	0,0001-0,01	-второй менее распространенный производитель метана. -встречается в 6% образцах	0.0
Archaea	Methanomassiliicoccus	0,0001-0,01	относится к архебиотикам благодаря способности использовать ТМА в качестве субстрата и помогает пациентам, страдающим триметиламинурией. -появление этого архея в желудочно-кишечном тракте человека может уменьшить накопление ТМАО и, следовательно, риск сердечно-сосудистых заболеваний, вызванных этим соединением.	0.0

Эукариоты

Тип	Род	Среднее значение %	Функциональное значение	Ваш вариант, %
<i>Bigyra</i>	<i>Blastocystis</i>	0-0	- Наиболее распространенные кишечные протисты у людей. Его роль в здоровье и заболевании человека противоречива. Блостоцисты обычно выявляются как у здоровых, так и у больных людей. У большинства людей, являющихся носителями этого микроорганизма, нет никаких признаков или симптомов, но он также встречается у людей, страдающих диареей и другими проблемами пищеварения. Кроме того, <i>Blastocystis</i> не обладает общепризнанными патогенными свойствами, и его присутствие часто связано с более высоким микробным разнообразием	0.0

Потенциал микробиоты к метаболизму

Бактерия	Среднее значение в популяции %	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
Бактерии-производители бутирата			
Roseburia	0,40-0,86	0,0	Значение отсутствует
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Roseburia inulinivorans	0,0001-0,03	0,0	Значение отсутствует
Faecalibacterium	5,12-7,65	5,14	Среднее значение
Faecalibacterium_prausnitzii	2,56-4,67	4,68	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,14-0,44	0,82	Высокое значение
Coprococcus_catus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Coprococcus_comes	0,0001-0,06	0,82	Высокое значение
Coprococcus_eutactus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Anaerostipes	0,04-0,09	2,48	Высокое значение
Anaerostipes hadrus	0,0001-0,05	2,18	Высокое значение
Subdoligranulum	1,10-1,88	0,32	Низкое значение
Butyricimonas	0,10-0,31	0,0	Значение отсутствует
Butyricimonas_synergistica	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Butyricimonas virosa	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Butyrivibrio	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Butyricoccus	0,08-0,16	0,17	Высокое значение
Flavonifractor	0,02-0,05	0,0	Значение отсутствует
Flavonifractor plautii	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,25-0,53	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter splanchnicus	0,18-0,38	0,0	Значение отсутствует
Lachnospira	0,71-1,54	0,95	Среднее значение
Lachnospira_pectinoschiza	0,12-0,37	0,95	Высокое значение
Agathobacter	0,53-1,45	3,77	Высокое значение
Agathobacter faecis	0,21-3	0,0	Значение отсутствует
Agathobacter rectale	0,21-3	0,0	Значение отсутствует
Потенциал производства бутирата		Низкий	
Бактерии-производители ацетата			
Alistipes	1,69-3,40	0,29	Низкое значение
Alistipes_finegoldii	0,0001-0,03	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_ihumii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_indistinctus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_inops	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_massiliensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_obesi	0,0001-0,11	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_putredinis	0,08-0,87	0,13	Среднее значение
Alistipes_senegalensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes_shahii	0,0001-0,02	0,17	Высокое значение
Alistipes_timonensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides	16,35-24,29	18,22	Среднее значение
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,06	9,83	Высокое значение
Bacteroides uniformis	0,61-1,58	1,14	Среднее значение
Bacteroides vulgatus	1,10-3,67	2,55	Среднее значение
Dorea	0,16-0,30	1,59	Высокое значение
Dorea formicigenerans	0,0001-0,04	0,22	Высокое значение
Dorea longicatena	0,08-0,19	1,35	Высокое значение
Blautia	0,34-0,57	1,03	Высокое значение
Blautia wexlerae	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Blautia massiliensis	0,0001-0,01	0,28	Высокое значение
Blautia obeum	0,0001-0,04	0,0	Значение отсутствует
Prevotella	0,003-0,29	1,45	Высокое значение
Phascolarctobacterium	0,03-1,59	5,28	Высокое значение
Anaerostipes	0,04-0,09	2,48	Высокое значение



Anaerostipes hadrus	0,0001-0,05	2,18	Высокое значение
Barnesiella	0,08-0,86	0,63	Среднее значение
Barnesiella_intestinihominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bifidobacterium	0,34-1,38	6,75	Высокое значение
Bifidobacterium longum	0,01-0,25	0,71	Высокое значение
Odoribacter	0,25-0,53	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter_splanchnicus	0,18-0,38	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,99-1,87	0,34	Низкое значение
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,18	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides_merdae	0,06-0,54	0,34	Среднее значение
Roseburia	0,40-0,86	0,0	Значение отсутствует
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Ruminococcus	0,38-1,10	0,32	Низкое значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Ruminococcus bromii	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Потенциал производства ацетата		Средний	
Бактерии-производители пропионата			
Akkermansia	0,02-0,58	0,16	Среднее значение
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,09	0,16	Высокое значение
Bacteroides	16,35-24,29	18,22	Среднее значение
Bacteroides caccae	0,0001-0,36	0,51	Высокое значение
Bacteroides faecis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides fragilis	0,0001-0,06	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides ovatus	0,0001-0,004	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,06	9,83	Высокое значение
Bacteroides_xylanisolvens	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Blautia	0,34-0,57	1,03	Высокое значение
Blautia obeum	0,0001-0,04	0,0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0,0	Значение отсутствует
Clostridium symbiosum	0-0	0,0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,14-0,44	0,82	Высокое значение
Coprococcus catus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Escherichia	0,06-0,23	10,34	Высокое значение
Flavonifractor	0,02-0,05	0,0	Значение отсутствует
Flavonifractor plautii	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	7,53	Высокое значение
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0,70	Высокое значение
Megamonas	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Megamonas funiformis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,99-1,87	0,34	Низкое значение
Parabacteroides_goldsteinii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Veillonella	0,01-0,04	6,24	Высокое значение
Veillonella dispar	0,0001-0,01	0,92	Высокое значение
Потенциал производства пропионата		Средний	
Бактерии, продуценты молочной кислоты			
Bifidobacterium	0,34-1,38	6,75	Высокое значение
Lactobacillus	0,0001-0,01	1,66	Высокое значение
Lactococcus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Leuconostoc	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus	0,12-0,33	1,56	Высокое значение
Enterococcus	0,0001-0,01	1,35	Высокое значение
Потенциал производства молочной кислоты		Высокий	
Бактерии, продуценты метана			
Methanobrevibacter	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Methanosphaera	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Methanomassiliicoccus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Потенциал производства метана		Низкий	
Бактерии, утилизирующие оксалаты			
Oxalobacter	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Anaerostipes	0,04-0,09	2,48	Высокое значение

Cloacibacillus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Потенциал утилизации оксалатов		Средний	
Бактерии, препятствующие колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками			
Barnesiella	0,08-0,86	0,63	Среднее значение
Протективный потенциал против колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками		Средний	
Бактерии, преобразователи желчных кислот			
Alistipes	1,69-3,40	0,29	Низкое значение
Blautia	0,34-0,57	1,03	Высокое значение
Enterocloster	0-0	0	Высокое значение
Methanobrevibacter	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0,0	Значение отсутствует
Потенциал преобразования желчных кислот		Средний	
Бактерии, продуценты аммиак⁵			
Alistipes	1,69-3,40	0,29	Низкое значение
Alistipes finegoldii	0,0001-0,03	0,0	Значение отсутствует
Bilophila	0,11-0,26	0,12	Среднее значение
Bilophila wadsworthia	0,07-0,21	0,12	Среднее значение
Blautia	0,34-0,57	1,03	Высокое значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Blautia wexlerae	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Citrobacter	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Citrobacter freundii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0,0	Значение отсутствует
Clostridium saudiense	0-0	0,0	Значение отсутствует
Comamonas	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Comamonas kerstersii	0-0	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_desulfuricans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Enterobacter	0,0001-0,01	0,58	Высокое значение
Enterobacter_himalayensis	0-0	0,0	Значение отсутствует
Haemophilus	0,003-0,03	0,12	Высокое значение
Haemophilus_parainfluenzae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	7,53	Высокое значение
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0,70	Высокое значение
Odoribacter	0,25-0,53	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter laneus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter_splanchnicus	0,18-0,38	0,0	Значение отсутствует
Roseburia	0,40-0,86	0,0	Значение отсутствует
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Ruminococcus	0,38-1,10	0,32	Низкое значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus	0,12-0,33	1,56	Высокое значение
Streptococcus salivarius	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_thermophilus	0,001-0,50	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_vestibularis	0,001-0,50	0,0	Значение отсутствует
Victivallis	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Victivallis vadensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Потенциал производства аммиака		Низкий	
Бактерии, продуценты ТМА⁶			
Bilophila	0,11-0,26	0,12	Среднее значение
Bilophila wadsworthia	0,07-0,21	0,12	Среднее значение
Blautia	0,34-0,57	1,03	Высокое значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Clostridium_asparagiforme	0-0	0,0	Значение отсутствует
Clostridium bolteae	0-0	0,0	Значение отсутствует

⁵ Производство аммиака — это нормальный способ, которым бактерии перерабатывают белок в кишечнике. Однако избыточное производство аммиака может приводить к нарушению барьерной функции кишечника и воспалительным процессам в кишечнике.

⁶ Триметиламин — это соединение, производимое некоторыми кишечными бактериями при переработке L-карнитина и холина, которое окисляется в печени до триметиламин-N-оксида (ТМАО). Повышенный уровень ТМАО является фактором риска развития метаболических нарушений, сердечно-сосудистых заболеваний, атеросклеротических изменений, сахарного диабета 2 типа.



Clostridium citroniae	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_clostridioforme	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium symbiosum	0-0	0.0	Значение отсутствует
Collinsella	0,12-0,44	4,74	Высокое значение
Collinsella_bouchesdurhonensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,14-0,44	0,82	Высокое значение
Coprococcus comes	0,0001-0,06	0,82	Высокое значение
Desulfovibrio	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_fairfieldensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Dorea	0,16-0,30	1,59	Высокое значение
Dorea longicatena	0,08-0,19	1,35	Высокое значение
Escherichia	0,06-0,23	10,34	Высокое значение
Escherichia coli	0.002-0.10	0.0	Значение отсутствует
Escherichia flexneri	0.001-0.50	0.0	Значение отсутствует
Hungatella hathewayi	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	7,53	Высокое значение
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0,70	Высокое значение
Lachnoclostridium	0,20-0,40	1,83	Высокое значение
Parasutterella	0,03-0,23	0,13	Среднее значение
Parasutterella_excrementihomini	0.001-0.30	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Phocea	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Phocea massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Потенциал производства тма			Средний
Бактерии, продуценты гистамина			
Bacteroides fragilis	0,0001-0,06	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides nordii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides oleiciplenus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides salyersiae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides_stercorisoris	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium perfringens	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella	0,0001-0,000	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella lenta	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella timonensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Fusobacterium ulcerans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter_massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter_pamelaeae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter_urolithinifaciens	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Haemophilus pittmaniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella aerogenes	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Methanobrevibacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Methanobrevibacter_smithii	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Methanosphaera	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Methanosphaera_cuniculi	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Methanosphaera_stadtmanae	0.021-50	0.0	Значение отсутствует
Morganella morganii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Raoultibacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Raoultibacter massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Потенциал синтеза гистамина			Низкий
Бактерии, продуценты ВСАА⁷			

⁷ Аминокислоты с разветвленной цепью (ВСАА) являются строительными блоками для мышц, участвуют в регуляции метаболизма глюкозы и жира, а также участвуют в регуляции обмена веществ, в регуляции работы иммунной системы. Они могут быть получены из вашего рациона питания, а также из микробиома вашего кишечника. Тем не менее, правильное количество ВСАА очень важно. Повышенная микробная продукция ВСАА может быть связана с метаболическими нарушениями, риском развития резистентности к инсулину и диабета 2 типа. Исследования показали, что увеличение количества микробных генов для производства ВСАА коррелировало с повышением уровня



Akkermansia	0,02-0,58	0,16	Среднее значение
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,09	0,16	Высокое значение
Alistipes	1,69-3,40	0,29	Низкое значение
Alistipes finegoldii	0,0001-0,03	0,0	Значение отсутствует
Alistipes onderdonkii	0,001-0,10	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides	16,35-24,29	18,22	Среднее значение
Bacteroides ovatus	0,0001-0,004	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,06	9,83	Высокое значение
Bacteroides_xylanisolvens	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides vulgatus	1,10-3,67	2,55	Среднее значение
Barnesiella	0,08-0,86	0,63	Среднее значение
Barnesiella_intestinihominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bilophila	0,11-0,26	0,12	Среднее значение
Bilophila wadsworthia	0,07-0,21	0,12	Среднее значение
Blautia	0,34-0,57	1,03	Высокое значение
Blautia massiliensis	0,0001-0,01	0,28	Высокое значение
Blautia obeum	0,0001-0,04	0,0	Значение отсутствует
Eggerthella	0,0001-0,000	0,0	Значение отсутствует
Eggerthella lenta	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Escherichia	0,06-0,23	10,34	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Lachnospira	0,71-1,54	0,95	Среднее значение
Lachnospira eligens	0,71-1,54	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,25-0,53	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter_splanchnicus	0,18-0,38	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,99-1,87	0,34	Низкое значение
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,18	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides_merdae	0,06-0,54	0,34	Среднее значение
Prevotella	0,003-0,29	1,45	Высокое значение
Prevotella copri	0,0001-0,01	0,49	Высокое значение
Roseburia	0,40-0,86	0,0	Значение отсутствует
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Ruminococcus	0,38-1,10	0,32	Низкое значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Потенциал синтеза всаа		Низкий	
В-glucouro nidase			
Alistipes	1,69-3,40	0,29	Низкое значение
Alistipes senegalensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes ihumii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes shahii	0,0001-0,02	0,17	Высокое значение
Bacteroides	16,35-24,29	18,22	Среднее значение
Bacteroides_cellulosilyticus	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides dorei	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides intestinalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides ovatus	0,0001-0,004	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides uniformis	0,61-1,58	1,14	Среднее значение
Bacteroides_xylanisolvens	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Escherichia	0,06-0,23	10,34	Высокое значение
Faecalibacterium	5,12-7,65	5,14	Среднее значение
Faecalibacterium_prausnitzii	2,56-4,67	4,68	Высокое значение
Lachnospira	0,71-1,54	0,95	Среднее значение
Lachnospira rogosae	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,99-1,87	0,34	Низкое значение
Parabacteroides_johnsonii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides_merdae	0,06-0,54	0,34	Среднее значение
Paraprevotella	0,0001-0,05	0,0	Значение отсутствует
Paraprevotella clara	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует

аминокислот в крови. Сочетание некоторых видов бактерий с "западным типом" диеты и малоподвижным образом жизни связаны с повышенным уровнем ВСАА в плазме и повышенным риском развития метаболических заболеваний.



Roseburia	0,40-0,86	0,0	Значение отсутствует
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
ПОТЕНЦИАЛ СИНТЕЗА β-glucouronidase		НИЗКИЙ	
Бактерии, продуцирующие сероводород			
Bilophila	0,11-0,26	0,12	Среднее значение
Bilophila wadsworthia	0,07-0,21	0,12	Среднее значение
Desulfovibrio	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_desulfuricans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_fairfieldensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Desulfovibrio piger	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Blautia	0,34-0,57	1,03	Высокое значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Blautia_hydrogenotrophica	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Citrobacter	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Citrobacter freundii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0,0	Значение отсутствует
Clostridium_asparagiforme	0-0	0,0	Значение отсутствует
Clostridium citroniae	0-0	0,0	Значение отсутствует
Clostridium symbiosum	0-0	0,0	Значение отсутствует
Enterobacter	0,0001-0,01	0,58	Высокое значение
Enterococcus	0,0001-0,01	1,35	Высокое значение
Enterococcus faecalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Enterococcus faecium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Erysipelatoclostridium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Escherichia	0,06-0,23	10,34	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	7,53	Высокое значение
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0,70	Высокое значение
Phocaea	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Phocaea massiliensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Потенциал синтеза сульфатов		Низкий	
Муцин-деградирующие бактерии			
Akkermansia	0,02-0,58	0,16	Среднее значение
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,09	0,16	Высокое значение
Alistipes	1,69-3,40	0,29	Низкое значение
Alistipes ihumii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes finegoldii	0,0001-0,03	0,0	Значение отсутствует
Alistipes senegalensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes shahii	0,0001-0,02	0,17	Высокое значение
Bacteroides	16,35-24,29	18,22	Среднее значение
Bacteroides caccae	0,0001-0,36	0,51	Высокое значение
Bacteroides_cellulosilyticus	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides dorei	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides eggerthii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides faecis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides finegoldii	0,0001-0,01	0,29	Высокое значение
Bacteroides fragilis	0,0001-0,06	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides ovatu		0,0	Значение отсутствует
Bacteroides salyersiae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,06	9,83	Высокое значение
Bacteroides uniformis	0,61-1,58	1,14	Среднее значение
Bacteroides vulgatus	1,10-3,67	2,55	Среднее значение
Bacteroides_xylanisolvans	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Barnesiella	0,08-0,86	0,63	Среднее значение
Barnesiella_intestinihominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,25-0,53	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter_splanchnicus	0,18-0,38	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,99-1,87	0,34	Низкое значение
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,18	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides_merdae	0,06-0,54	0,34	Среднее значение
Потенциал деградации муцина		Низкий	

Protein-деградирующие бактерии			
Bacteroides	16,35-24,29	18,22	Среднее значение
Bacteroides caccae	0,0001-0,36	0,51	Высокое значение
Bacteroides cellulosityticus	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides eggerthii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides fragilis	0,0001-0,06	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides ovatus	0,0001-0,004	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides salyersiae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides thetaiotaomicron	0,0001-0,06	9,83	Высокое значение
Bacteroides xylanisolvans	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Butyricimonas	0,10-0,31	0,0	Значение отсутствует
Butyricimonas synergistica	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Butyricimonas virosa	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Clostridium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Clostridium bolteae	0-0	0,0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,14-0,44	0,82	Высокое значение
Coprococcus eutactus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Coprococcus comes	0,0001-0,06	0,82	Высокое значение
Escherichia	0,06-0,23	10,34	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,99-1,87	0,34	Низкое значение
Parabacteroides distasoni		0,0	Значение отсутствует
Prevotella	0,003-0,29	1,45	Высокое значение
Prevotella copri	0,0001-0,01	0,49	Высокое значение
Roseburia	0,40-0,86	0,0	Значение отсутствует
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Ruminococcus	0,38-1,10	0,32	Низкое значение
Ruminococcus bromii	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Потенциал расщепления белка			Низкий
Fibre-деградирующие бактерии			
Akkermansia	0,02-0,58	0,16	Среднее значение
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,09	0,16	Высокое значение
Alistipes	1,69-3,40	0,29	Низкое значение
Alistipes ihumii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes finegoldii	0,0001-0,03	0,0	Значение отсутствует
Alistipes senegalensis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Alistipes shahii	0,0001-0,02	0,17	Высокое значение
Bacteroides	16,35-24,29	18,22	Среднее значение
Bacteroides caccae	0,0001-0,36	0,51	Высокое значение
Bacteroides cellulosityticus	0,0001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides dorei	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides eggerthii	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides faecis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides finegoldii	0,0001-0,01	0,29	Высокое значение
Bacteroides fragilis	0,0001-0,06	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides ovatus	0,0001-0,004	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides salyersiae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Bacteroides thetaiotaomicron	0,0001-0,06	9,83	Высокое значение
Bacteroides uniformis	0,61-1,58	1,14	Среднее значение
Bacteroides vulgatus	1,10-3,67	2,55	Среднее значение
Bacteroides xylanisolvans	0,001-0,02	0,0	Значение отсутствует
Barnesiella	0,08-0,86	0,63	Среднее значение
Barnesiella intestihominis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,25-0,53	0,0	Значение отсутствует
Odoribacter splanchnicus	0,18-0,38	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,99-1,87	0,34	Низкое значение
Parabacteroides distasonis	0,0001-0,18	0,0	Значение отсутствует
Parabacteroides merdae	0,06-0,54	0,34	Среднее значение
Потенциал расщепления волокон			Низкий
Бактерии, ферментирующие глютен			
Bifidobacterium	0,34-1,38	6,75	Высокое значение
Lactobacillus	0,0001-0,01	1,66	Высокое значение

Потенциал метаболизма глютена			Высокий
Бактерии, ферментирующие лактозу (молочный сахар)			
Faecalibacterium	5,12-7,65	5,14	Среднее значение
Roseburia	0,40-0,86	0,0	Значение отсутствует
Bifidobacterium	0,34-1,38	6,75	Высокое значение
Lactobacillus	0,0001-0,01	1,66	Высокое значение
Collinsella	0,12-0,44	4,74	Высокое значение
Slackia	0,0001-0,01	0,18	Высокое значение
Enterococcus	0,0001-0,01	1,35	Высокое значение
Потенциал метаболизма лактозы			Высокий

Оральные бактерии

Данные бактерии обитают в ротовой полости, но могут колонизировать кишечник, что может быть связано с факторами окружающей среды, присутствующие в желудочно-кишечном тракте, такие как желчь и pH (нарушенная кислотность желудка, прием ИПП, воспаление, заболевания, диета). Повышенные значения также могут быть у новорожденных и пожилых людей по причине незрелых или менее функциональных барьеров в организме.

Бактерия	Среднее значение в популяции %	Ваш вариант, %	Краткая интерпретация
Cutibacterium	0,0001-0,01	0,93	Высокое значение
Cutibacterium_acnes	0,0001-0,01	0,93	Высокое значение
Dialister	0,0001-0,68	0,0	Значение отсутствует
Dialister_invisus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Haemophilus	0,003-0,03	0,12	Высокое значение
Haemophilus_parainfluenzae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Haemophilus_pittmaniae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptoniphilus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptoniphilus_lacrimalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Porphyromonas	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Porphyromonas_gingivalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Porphyromonas_somerae	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Prevotella	0,003-0,29	1,45	Высокое значение
Prevotella_bivia	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Prevotella_buccalis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Prevotella_corporis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Solobacterium	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Solobacterium_moorei	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus	0,12-0,33	1,56	Высокое значение
Streptococcus_anginosus	0,0001-0,01	0,53	Высокое значение
Streptococcus_mutans	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_oralis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_parasanguinis	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_salivarius	0,0001-0,01	0,0	Значение отсутствует
Streptococcus_vestibularis	0-0	0,0	Значение отсутствует
Veillonella	0,01-0,04	6,24	Высокое значение
Veillonella_atypica	0,0001-0,01	0,74	Высокое значение
Veillonella_dispar	0,0001-0,01	0,92	Высокое значение
Veillonella_parvula	0,0001-0,01	2,15	Высокое значение
Veillonella_dispar/ parvula	0-0	0,0	Значение отсутствует

Патогенная нагрузка

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.

Классификация бактерий/род/вид	Класс патогенности		Среднее значение в популяции здоровых людей %	Ваш вариант, %	Краткая Интерпретация/ Значение
	ВОЗ ⁸	РФ ⁹			
Патогенные и условно-патогенные бактерии					
Aerobacter aerogenes		4		0.0	Значение отсутствует
Actinomyces albus		4		0.0	Значение отсутствует
Bacillus	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacillus cereus		4		0.0	Значение отсутствует
Brucella	-		0	0.0	Значение отсутствует
Bordetella pertussis		3		0.0	Значение отсутствует
Borrelia		4		0.0	Значение отсутствует
Borrelia recurrentis		3		0.0	Значение отсутствует
Bordetella bronchiseptica		4		0.0	Значение отсутствует
Bordetella parapertussis		4		0.0	Значение отсутствует
Branchamella catarrhalis		4		0.0	Значение отсутствует
Burkholderia cepacia		4		0.0	Значение отсутствует
Burkholderia thailandensis		4		0.0	Значение отсутствует
Campylobacter	-	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

⁸ Международная классификация патогенности, используемая ВОЗ, отличается от существующей в России обратным порядком: микроорганизмы наиболее высокой степени патогенности у них отнесены к IV группе (см. Таблицу 1) 2010 г.

⁹ Постановление Главного государственного санитарного врача РФ от 28.01.2008 N 4 (ред. от 29.06.2011) Об утверждении санитарно-эпидемиологических правил СП 1.3.2322-08 (вместе с СП 1.3.2322-08. Безопасность работы с микроорганизмами III - IV групп патогенности (опасности) и возбудителями паразитарных болезней. Санитарно-эпидемиологические правила) (Зарегистрировано в Минюсте РФ 21.02.2008 N 11197)>Приложение. СП 1.3.2322-08. Безопасность работы с микроорганизмами III - IV групп патогенности (опасности) и возбудителями паразитарных болезней. Санитарно-эпидемиологические правила>Приложение N 1. Классификация микроорганизмов - возбудителей инфекционных заболеваний человека, простейших, гельминтов и ядов биологического происхождения по группам патогенности

Campylobacter rectus	2		0	0.0	Значение отсутствует
Campylobacter upsaliensis	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Campylobacter fetus		3		0.0	Значение отсутствует
Campylobacter jejuni		3		0.0	Значение отсутствует
Citrobacter	-	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Cronobacter	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Cronobacter sakazakii	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridioides	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Cloxytidium	-		0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium botulinum		3		0.0	Значение отсутствует
Clostridium bifermentans	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium chauvoei	2		0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium difficile	2		0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium fallax	2		0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium haemolyticum	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium novyi	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium perfringens	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium sordellii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium septicum		4		0.0	Значение отсутствует
Clostridium tertium	2		0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium tetani		3		0.0	Значение отсутствует
Corynebacterium diphtheriae		3		0.0	Значение отсутствует
Eikinella corrodens		4		0.0	Значение отсутствует
Eubacterium endocarditidis		4		0.0	Значение отсутствует
Eubacterium lentum		4		0.0	Значение отсутствует
Eubacterium ventriosum		4		0.0	Значение отсутствует
Enterobacter	2		0,0001-0,01	0,58	Высокое значение
Enterobacter aerogenes	2		0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter amnigenus	2		0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter asburiae	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter cancerogenus	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter taylorae	2		0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter cloacae	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter cowanii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter hormaechei	2		0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter kobei	2		0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter ludwigii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Escherichia/Shigella	-		0,06-0,23	10,34	Высокое значение
Escherichia coli	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Escherichia albertii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Escherichia fergusonii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Enterococcus	-		0,0001-0,01	1,35	Высокое значение
Enterococcus hirae	2		0	0.0	Значение отсутствует
Enterococcus faecalis		4			
Enterococcus faecium		4			
Eggerthella	-		0,0001-0,000	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella lenta	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Erysipelothrix rhusiopathiae		3		0.0	Значение отсутствует



Flavobacterium meningosepticum		4		0.0	Значение отсутствует
Fusobacterium	-		0,0001-0,01	0,72	Высокое значение
Fusobacterium nucleatum			0,0001-0,01	0,72	Высокое значение
Fusobacterium naviforme	2		0	0.0	Значение отсутствует
Fusobacterium necrophorum	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Fusobacterium varium	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Haemophilus	-		0,003-0,03	0,12	Высокое значение
Haemophilus influenzae		4		0.0	Значение отсутствует
Hafnia alvei		4		0.0	Значение отсутствует
Helicobacter	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Helicobacter bizzozeronii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Helicobacter canadensis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Helicobacter canis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Helicobacter cinaedi (Campylobacter cinaedi)	2		0	0.0	Значение отсутствует
Helicobacter felis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Helicobacter pullorum	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Helicobacter pylori		3		0.0	Значение отсутствует
Legionella pneumophila		3		0.0	Значение отсутствует
Leptospira interrogans		3		0.0	Значение отсутствует
Listeria monocytogenes		3		0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	-		0,0001-0,01	7,53	Высокое значение
Klebsiella ozaenae		4		0.0	Значение отсутствует
Klebsiella pneumoniae	2	4	0,0001-0,01	0,70	Высокое значение
Klebsiella mobilis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella oxytoca	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella variicola	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella rhinoscleromatis		4		0.0	Значение отсутствует
Neisseria	-		0,0001-0,01	0,06	Высокое значение
Neisseria gonorrhoeae		3		0.0	Значение отсутствует
Neisseria meningitidis		3		0.0	Значение отсутствует
Nocardia	-		0	0.0	Значение отсутствует
Nocardia asteroides		3		0.0	Значение отсутствует
Nocardia brasiliensis		3		0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium		4		0.0	Значение отсутствует
Mycoplasma	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Morganella	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Morganella morganii	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Staphylococcus	-	4	0,0001-0,01	0,08	Высокое значение
Staphylococcus hominis	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Staphylococcus caprae	2		0	0.0	Значение отсутствует
Staphylococcus aureus	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Staphylococcus epidermidis	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Staphylococcus haemolyticus	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Staphylococcus schleiferi	2		0	0.0	Значение отсутствует
Staphylococcus pseudintermedius	2		0	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus	-	4	0,12-0,33	1,56	Высокое значение
Streptococcus acidominimus	2		0	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus agalactiae	2		0	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus mutans	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus dysgalactiae	2		0	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus equi	2		0	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus gallolyticus	2		0	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus intermedius	2		0	0.0	Значение отсутствует
Salmonella	2	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Salmonella typhimurium	2		0	0.0	Значение отсутствует
Salmonella Typhi	3		0	0.0	Значение отсутствует
Salmonella paratyphi		3		0.0	Значение отсутствует
Pasteurella multocida		3		0.0	Значение отсутствует
Proactinomyces israelii		3		0.0	Значение отсутствует
Proteus	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует



Proteus mirabilis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Providencia	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Providencia alcalifaciens	2		0	0.0	Значение отсутствует
Pseudomonas	-		0,0001-0,01	0,06	Высокое значение
Pseudomonas aeruginosa	2		0	0.0	Значение отсутствует
Parvimonas			0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas canoris	2		0	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas gingivalis	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas levii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus anaerobius	2		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus vaginalis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Sphingomonas	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Treponema	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Treponema pallidum	2	3	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio	-	4	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio cholerae	2	2	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio cincinnatiensis	2		0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio fluvialis	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio furnissii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio metschnikovii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio mimicus	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio parahaemolyticus	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Vibrio vulnificus	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Yersinia aldovae	1		0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia aleksiciae	2		0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia enterocolitica	2	4	0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia frederiksenii	2		0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia pseudotuberculosis	2	3	0	0.0	Значение отсутствует
Виды бактерий с высоким уровнем патогенности					
Bacillus anthracis	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Brucella melitensis	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Burkholderia mallei	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Burkholderia pseudomallei	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Chlamydia psittaci	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Coxiella burnetii	3		0	0.0	Значение отсутствует
Francisella tularensis	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium avium	3	3			
Mycobacterium africanum	3		0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium bovis	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium caprae	3		0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium leprae	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium microti	3		0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium pinnipedii	3		0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium tuberculosis	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium ulcerans	3		0	0.0	Значение отсутствует
Orientia tsutsugamushi	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia		3			
Rickettsia africae	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia akari	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia australis	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia canadensis	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia conorii	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia heilongjiangensis	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia japonica	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia montanensis	3		0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia prowazekii	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia rickettsii	3	2	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia sibirica	3	3	0	0.0	Значение отсутствует
Rickettsia typhi	3	2	0	0.0	Значение отсутствует

Shigella dysenteriae	3		0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia pestis	3		0	0.0	Значение отсутствует
Случайные находки (заполняется в ручном режиме)					

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 филометаболического 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 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.

Таблица 1

Группа риска		Название группы риска	Оценка риска
ВОЗ	РФ		
Группа риска I	Группа риска IV	Отсутствие или низкая индивидуальная и общественная опасность	Микроорганизм, потенциально не являющийся возбудителем заболеваний человека или животных
Группа риска II	Группа риска III	Умеренная индивидуальная опасность, низкая общественная опасность	Патогенный микроорганизм, который может вызвать заболевание, но не представляет серьёзного риска для персонала, населения, домашнего скота или окружающей среды. Неосторожность в лаборатории может

			вызвать инфекцию, однако существуют доступные лечебные и профилактические меры. Риск распространения ограничен.
Группа риска III	Группа риска II	Высокий индивидуальный и низкий общественный риск	Патогенный агент, который обычно вызывает серьезное заболевание человека или животных, но, как правило, не распространяется от больного к здоровому. Существуют эффективные лечебно-профилактические процедуры.
Группа риска IV	Группа риска I	Высокий индивидуальный и общественный риск	Патогенный агент вызывает обычно серьезное заболевание у человека или животных и легко распространяется от больного к здоровому или опосредованно. Эффективных мер в большинстве случаев не существует.

Выводы:

Бактерия	Высокое значение	Среднее значение	Низкое значение	Отсутствие или крайне низкое
Потенциал патогенности микробиоты				
Патогенная нагрузка				
Потенциал развития кишечной инфекции				
Потенциал нарушения орально-кишечного барьера				
Потенциал воспаления				
Потенциал онкогенности ¹⁰				
Протективный потенциал микробиоты				
Бактерии, препятствующие колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками				
Бактерии, показатели здорового метаболизма и здорового слизистого барьера				
Бактериальные композиции				
Бутират-продуцирующие бактерии				
Бактерии, продуцирующие ацетат				
Бактерии, продуцирующие пропионат				
Бактерии, продуцирующие валериат				
Бактерии, продуцирующие метан				
Бактерии, продуцирующие аммоний				
Бактерии, продуцирующие ТМА				
Бактерии, продуцирующие ВСАА				
Бактерии, продуцирующие гистамин				
Бактерии, продуценты молочной кислоты				
Бактерии, продуцирующие β -glucouronidase				
Бактерии, продуцирующие сероводород				
Сульфатредуцирующие бактерии				
Протеин-редуцирующие бактерии				
Бактерии редуцирующие пищевые волокна				
Бактерии, утилизирующие оксалаты				
Потенциал метаболизма				
Потенциал метаболизма глютена				
Потенциал метаболизма лактозы				
Потенциал дисметаболизма желчных кислот				

¹⁰ Только для людей 45+

Потенциал синтеза витаминов ¹¹				
Потенциал снижения уровня витамина D				
Потенциал снижения уровня Fe				
Потенциал снижения биодоступности серотонина				
Потенциал развития патологических состояний ¹²				
Потенциал развития синдрома повышенной кишечной проницаемости				
Потенциал развития ожирения				
Потенциал развития инсулинорезистентности				
Потенциал развития нарушения липидного обмена				
Потенциал развития Сахарного диабета 2 типа				
Потенциал развития Неалкогольная жировая болезнь печени				
Потенциал развития Воспалительных заболеваний кишечника				
Потенциал развития Синдром раздраженного кишечника				
Потенциал развития Синдром хронической усталости				
Потенциал развития Повышенной тревожности/Депрессивных расстройств				
Потенциал развития аллергических реакций				
Другое (раздел под специальный запросы)				

Дополнение

Функциональные бактерии

1. **Высокое значение Prevotella.** Некоторые виды которой могут 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. 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. 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 у европейцев на западной диете. Некоторые виды в высоком значении были ассоциированы с ревматоидным артритом.

2. **Высокое значение Phascolarctobacterium.** 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

¹¹ Синтез витаминов группы В бактериями кишечной микробиоты нацелен только на покрытие собственных нужд жизнедеятельности самих бактерий

¹² 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.



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

3. Высокое значение *Bifidobacterium*. Род молочно-кислых бактерий с пробиотическими свойствами. Бифидобактерии выделяют лактат и ацетат, который используется другими бактериями для производства полезного метаболита-бутирата. Также Бифидобактерии обладают иммуномодулирующими, защитными и противовоспалительными свойствами. Несмотря на полезные свойства данного рода, очень высокие уровни некоторых видов могут быть неблагоприятными для слизистого барьера кишечника. *Bifidobacterium* колонизируют слой слизи кишечника и могут регулировать выработку слизи бокаловидными клетками. Однако некоторые виды *Bifidobacterium* содержат множество ферментов гликозилгидролаз, которые могут в значительной степени разрушать гликаны муцина (белок слизистого слоя кишечника) и нарушать слизистый барьер кишечника. Способность расщеплять гликаны муцина может быть неблагоприятной при снижении выработки муцина, например, во время колита. Необходимо сопоставить результаты анализа с диетой, приемом пре и пробиотиков, молочно-кислой продукции.

Условно-патогенные

бактерии

4. Выявлена *Escherichia/Shigella* в высоком значении. Большинство бактерий данного рода являются безопасными, распространенными членами микробиоты кишечника, сосуществуют в симбиозе с хозяином и обеспечивают устойчивость к патогенным бактериям, способны вырабатывать вит К. Данные бактерии имеют клиническое значение лишь при высоких показателях, чрезмерном росте. Кишечная палочка в большом количестве связана с деградацией муцина и увеличением кишечной проницаемости, возможен риск развития дефицита железа при увеличении популяции бактерий. Самый распространенный вид - *Escherichia coli*. Данный вид является обычным обитателем кишечника, хотя обычно он присутствует в небольшом количестве по сравнению с другими нормальными видами кишечника. Этот вид охватывает большое количество штаммов с разнообразными свойствами; существуют абсолютно патогенные штаммы, которые являются причиной желудочно-кишечных инфекций и инфекций мочевыводящих путей. Однако большинство штаммов не являются вредными. В рамках 16S рПНК секвенирования штаммы не отображаются. Результаты анализа необходимо сопоставить с клинической картиной.

Рекомендации по пробиотикам:

Соотношение основных родов

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Bacteroides	27.904324	Lachnospiracea	0.699431	Hungatella	0.044883
Faecalibacterium	16.324431	e_NK4A136_group		Candidatus_Solaeiferrea	0.043013
Unclassified	7.484291	UCG-003	0.652678	Escherichia/Shigella	0.026182
Ruminococcus	6.231299	Alistipes	0.633977	UBA1819	0.026182
Phascolarctobacterium	5.580491	Akkermansia	0.609665	CHKCI001	0.026182
Lachnospira	5.197113	Monoglobus	0.577873	Lachnospiraceae_UCG-010	0.024312
Roseburia	3.384949	Marvinbryantia	0.525509	UCG-005	0.018701
Subdoligranulum	2.874402	Eggerthella	0.420781	Clostridium_sensu_stricto_1	0.018701
Parasutterella	2.498504	Oscillibacter	0.418911	Anaerotruncus	0.016831
Agathobacter	2.326451	Flavonifractor	0.4133	Pseudoflavonifractor	0.016831
Bifidobacterium	1.817774	Anaerostipes	0.302962	Rothia	0.014961
Blautia	1.806553	Colidextribacter	0.27491	Paludicola	0.013091
Barnesiella	1.748579	Butyricicoccus	0.216936	Caproiciproducens	0.011221
Odoribacter	1.434396	Oscillospira	0.213196	Lachnospiraceae_NC2004_group	0.007481
Erysipelatoclostridium	1.273564	Coprobacter	0.205715		
Lachnospiraceae_UCG-004	1.073459	Fusicatenibacter	0.198235	Gardnerella	0.00561
Lachnoclostridium	1.009874	Anaerofilum	0.188884	DTU089	0.00374
Coprococcus	0.908887	Romboutsia	0.160832		
Erysipelotrichaceae_UCG-003	0.864004	Holdemania	0.099117		
Dorea	0.779847	Streptococcus	0.084156		
		Haemophilus	0.082286		
		Incertae_Sedis	0.067325		
		Veillonella	0.056104		
		Gordonibacter	0.056104		

Соотношение основных видов

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %
Unclassified	32.757331
Faecalibacterium_prausnitzii	15.116323
Bacteroides_vulgatus	14.54406
Ruminococcus_bicirculans	5.079294
Phascolarctobacterium_faecium	4.291966
Roseburia_inulinivorans	3.113779
Bacteroides_cellulosilyticus/intestinalis	2.810817
Bacteroides_uniformis	2.646245
Bacteroides_thetaiotaomicron	2.107645
Bifidobacterium_longum	1.817774
Bacteroides_fragilis	1.526032
Odoribacter_splanchnicus	1.434396
Bacteroides_fragilis/xylanisolvens	1.428785
Blautia_faecis	1.370811
Parasutterella_excrementihominis	1.266083
Coprococcus_coesmes	0.908887
Lachnospira_pectinoschiza	0.822861
Erysipelotrichaceae_UCG-003_bacterium	0.763016
Bacteroides_ostensius/xylanisolvens	0.6826
Akkermansia_muciniphila	0.609665
Dorea_longicatena	0.476885

Классификация	Доля %
Erysipelatoclostridium_amosum	0.448833
Eggerthella_lenta	0.420781
Lachnospiraceae_m_edeaudi	0.345975
Alistipes_obesi	0.338495
Barnesiella_intestinalis	0.323534
Bacteroides_nordii	0.314183
Flavonifractor_plautii	0.2693
Fusicatenibacter_saccharivorans	0.198235
Anaerostipes_hadrum	0.198235
Lachnospiraceae_NK4A136_group_bacterium	0.190754
Romboutsia_ilealis/timonensis	0.160832
Roseburia_hominis	0.145871
Dorea_formicigenans	0.13652
Blautia_obeum	0.13091
Alistipes_senegalensis	0.106598
Holdemania_filiformis	0.099117
Alistipes_finegoldii	0.089767
Blautia_obeum/wexlerae	0.071065
Haemophilus_influenzae/parainfluenzae	0.061715
Veillonella_disparis/parvula	0.056104
Alistipes_finegoldii/onderdonkii	0.052364
Alistipes_indistinctus	0.046753
Hungatella_hathewayi	0.044883

Классификация	Доля %
Streptococcus_austoralis/pneumoniae/rubneri	0.041143
Blautia_massiliensis	0.035533
Escherichia/Shigella_albertii/boydii/coli/dysenteriae/fergusonii/flexneri/marmotae/sonnei	0.026182
Haemophilus_painfluenzae	0.020572
Clostridium_sensu_stricto_1_celatum/disporicum/saudiense	0.018701
Anaerotruncus_colihominis	0.016831
Rothia_mucilaginosa	0.014961