

La investigación reportada en esta tesis es parte de los programas de investigación del CICESE (Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California).

La investigación fue financiada por el CONACYT (Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología).

Todo el material contenido en esta tesis está protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México). El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo o titular de los Derechos Autor.

**Centro de Investigación Científica y de Educación
Superior de Ensenada, Baja California**



**Doctorado en Ciencias
en Ecología Marina**

Análisis de la abundancia de lobos marinos (*Zalophus californianus*), condición corporal, caracterización de la microbiota anal y detección de agentes zoonóticos en la Región de las Grandes Islas

Tesis
para cubrir parcialmente los requisitos necesarios para obtener el grado de
Doctor en Ciencias

Presenta:

David Ramírez Delgado

Ensenada, Baja California, México
2023

Tesis defendida por
David Ramírez Delgado

y aprobada por el siguiente Comité

Dra. Ma. Elena Solana Arellano
Codirectora de tesis

Dr. Alexei Fedorovich Licea Navarro
Codirector de tesis

Dra. María Asunción Lago Lestón

Dr. Carlos Alberto Flores López

Dr. Helmut Maske Rubach

Dr. Ricardo Alberto González Sánchez



Dr. Rafael Andrés Cabral Tena
Coordinador del Posgrado en Ecología Marina

Dr. Pedro Negrete Regagnon
Director de Estudios de Posgrado

Resumen de la tesis que presenta **David Ramírez Delgado** como requisito parcial para la obtención del grado de Doctor en Ciencias en Ecología Marina.

Análisis de la abundancia de Lobos marinos (*Zalophus californianus*), condición corporal, caracterización de la microbiota anal y detección de agentes zoonóticos en la Región de las Grandes Islas

Resumen aprobado por:

Dra. Ma. Elena Solana Arellano
Codirectora de tesis

Dr. Alexei Fedorovich Licea Navarro
Codirector de tesis

Empleando el registro de conteos de abundancia de *Z. californianus* realizados por el personal del APFF IGC BC (CONANP) se analizó la tendencia de la abundancia por estadio ontogénico, y con base a los datos morfométricos de crías de la misma especie se obtuvo el índice de condición corporal para un periodo de 12 años, y se examinó si la TSM podría ser un factor coadyuvante con el índice mencionado; además se obtuvieron muestra de mucosa anal de este mismo estadio para determinar mediante secuenciación masiva las especies bacterianas que conformaron la microbiota para el año 2018, mediante herramientas bioinformáticas se asignaron las secuencias genéticas aisladas con secuencias de referencia genómicas; una vez obtenidas dichas secuencias se realizó la predicción metabólica funcional para la detección de las rutas metabólicas teóricas asociadas a dicha microbiota, además se realizó una búsqueda de secuencias congruentes con especies bacterianas zoonóticas que estuvieron presentes en dichas muestra. Los estudios realizados en esta tesis se llevaron a cabo con la finalidad de aportar información puntual en 6 loberas de la región central del golfo de California y que pueda ser de apoyo para los organismos de conservación y salud ecosistémica para esclarecer la tendencia decreciente de la población de lobos marinos en la región de las grandes Islas cercanas a la costa de Baja California. Los resultados encontrados mostraron que estas loberas muestran también una tendencia negativa en abundancia, pero solo para ciertos estadios ontogénicos y que entre loberas existen diferencias de comportamiento tanto en abundancia como con respecto a la tendencia de índice de desarrollo corporal en crías, además la mayoría de las loberas no mostraron una relación lineal entre el ICC y la TSM, a excepción de la lobera Rasito, lo que podría ser explicado por las variaciones oceanográficas de las diferentes regiones del GC. Con respecto a la composición de la microbiota detectada se observó que a nivel de *phylum* existe predominio de Proteobacteria y que consecuentemente la familia Enterobacteriaceae, es también la más abundante para la mayoría de las loberas. La diversidad bacteriana entre loberas fue estadísticamente diferente, como lo evidenció la prueba T de Hutcheson para el índice de Shannon. También se detectaron secuencias congruentes con agentes zoonóticos de relevancia para la salud propia de la especie en estudio como *Otariodibacter* sp., y secuencias de bacterias que se consideran de otras especies animales como *Ornithobacterium* sp. En el tema de bacterias zoonóticas, se detectaron secuencias congruentes con patógenos de interés en salud pública, de los que resalta la detección de secuencias congruentes con *B. anthracis* aunque solo fue en una lobera y con muy baja frecuencia de detección.

Palabras clave: Microbiota anal, Crías de Lobo marino de California, *Z. californianus*, golfo de California, tendencia poblacional.

Abstract of the thesis presented by **David Ramírez Delgado** as a partial requirement to obtain the Doctor of science degree in Marine Ecology

Analysis of the abundance of sea lions (*Zalophus californianus*), body condition, characterization of the anal microbiota, and detection of zoonotic agents in the Region of the Large Islands

Abstract approved by:

Dra. Ma. Elena Solana Arellano
Thesis Codirector

Dr. Alexei Fedorovich Licea Navarro
Thesis Codirector

The work produced in this thesis was carried out to provide specific information in 6 colonies of the central region of the gulf of California that can be of support for conservation and ecosystem health organizations to clarify the decreasing trend of the population of sea lions in the Midriff region near the coast of Baja California. The abundance trend by ontogenetic stage was analyzed with the record of abundance counts of *Z. californianus* carried out by the APFF IGC BC (CONANP) staff, and based on the morphometric data of offspring of the same species, the body condition index was obtained for 12 years. The relationship between the SST and the body condition index was examined. In addition, massive sequencing of anal mucosa samples of offspring sampled in 2018 was obtained to determine the bacterial species that are integrated into the microbiota. The isolated genetic sequences were assigned with genomic reference sequences using bioinformatics tools. The theoretical metabolic pathways associated with the microbiota was estimated. In addition, a search was carried out for sequences consistent with zoonotic bacterial species that were present in a sample. The results showed that the sea lion colonies show a negative trend in abundance for certain ontogenetic stages, and there are behavioral differences between colonies. A difference in the body development index trend was observed in most populations. The rookeries did not show a linear relationship between the ICC and the SST, except for the Rasito rookery, which the oceanographic variations of the different regions of the GC could explain. Regarding the composition of the detected microbiota, it was observed that at the *phylum* level, there is a predominance of Proteobacteria and that, consequently, the Enterobacteriaceae family is also the most abundant for most sea lion colonies. The bacterial diversity between colonies was statistically different, as evidenced by Hutcheson's T test for the Shannon index. Congruent sequences with zoonotic agents relevant to the health of the species under study, such as *Otariodibacter* sp., and sequences of bacteria considered to be from other animal species, such as *Ornithobacterium* sp., were also detected. Regarding zoonotic bacteria, sequences consistent with pathogens of interest in public health were detected, of which the detection of sequences consistent with *B. anthracis* stands out, although it was only in a single colony and with a very low frequency of detection.

Keywords: Ana microbiota, Sea lion pups, *Z. californianus*, gulf of California, Population trending

Dedicatoria

A mi madre, por todo su apoyo, ayuda, guía, amor, y confianza en mí

A mi hermano Marcos, quien siempre ha estado conmigo, apoyándome en todos los aspectos, y brindándome su guía, amistad y hermandad.

A mi otro hermano, Luis, que de igual forma ha creído en mí desde siempre y me ha brindado todo su apoyo, ayuda y guía.

A toda mi Familia, quienes siempre me han apoyado y me han dado todo su cariño, y han confiado en que lograra los retos que me propuesto.

A mis amigos.

In memoriam a Carlos Ramón Godínez Reyes, un amigo, hermano, mentor, maestro y guía, que sigas disfrutando de la fauna silvestre y el golfo de California.

Agradecimientos

Al Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California (CICESE) y al posgrado en ecología marina por brindarme la oportunidad de realizar mis estudios de posgrado y contribuir a mi formación profesional y académica.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo económico brindado para poder llevar a cabo esta tesis y mis estudios de posgrado (CVU 273337).

A mis directores de Tesis, Dra. Ma. Elena Solana Arellano y Dr. Alexei Fedorovich Licea Navarro, por su guía, y apoyo tanto académico, personal y con recursos financieros (proyectos internos 685-608 y 685-101, respectivamente) e infraestructura.

A los miembros de mi comité de tesis: Dra. María Asunción Lago Lestón, Dr. Carlos Alberto Flores López, Dr. Helmut Maske Rubach, y Dr. Ricardo Alberto González-Sánchez, por su acompañamiento y asesoría en este proyecto.

A Ricardo Cruz, quien siempre me ha brindado su apoyo, amistad y sabiduría.

A Rosalía Ávalos Téllez (Dra.), y Claudia Hernández Camacho, por su apoyo, solidaridad, asesoría y siempre estar dispuesta a brindar su experiencia y aportar ideas y soluciones para la realización de esta tesis

A la dirección de la Reserva de la Biosfera de Bahía de los Ángeles y canales de Ballenas y Salsipuedes, por su apoyo para la colecta de muestras biológicas; en particular a Hugo Moreno, Rito Vale, Marcelino Chávez, por sus enseñanzas, apoyo, amistad y, palabras y acciones de apoyo y aliento, y por regresarnos siempre “sanos y salvos” a tierra, aún y cuando el mar y la fauna silvestre “nos la ponía difícil”.

A Deira por todo su apoyo, amistad, acompañamiento y paciencia explicando términos biológicos y en general, de toda índole. Así como a todos mis compañeros de Laboratorio, por su apoyo y compañerismo.

A Juan Manuel, Gerardo, Fernando, Uriel, Alfredo, Ramón, Ricardo, por su compañerismo, solidaridad, apoyo y ayuda, y siempre la buena intención de dar un buen consejo y todas las buenas ocurrencias.

Tabla de contenido

Página

Resumen en español:	ii
Resumen en inglés:	iii
Dedicatoria	iv
Agradecimientos	v
Lista de figuras	viii
Lista de tablas	ix
 Capítulo 1. Introducción	 1
1.1 Antecedentes	5
1.2 Justificación	6
1.3 Hipótesis	7
1.4 Objetivos	7
1.4.1 Objetivo general	7
1.4.2 Objetivos específicos	8
 Capítulo 2. Metodología	 9
2.1 Captura de ejemplares, conteo poblacional y obtención de muestras biológicas	9
2.2 Análisis de tendencia poblacional	9
2.3 Análisis de condición corporal de crías de lobo marino	10
2.4 Análisis de relación entre la Temperatura Superficial del Mar (TSM) y el Índice de Desarrollo Corporal (ICC)	11
2.5 Determinación de diversidad de la microbiota anal	12
2.5.1 Extracción y Purificación de DNA.	12
2.5.2 Secuenciación y construcción de librería de referencia	12

2.5.3	Análisis bioinformáticos	13
2.6	Predicción metabólica funcional en crías de la RGI	13
2.7	Detección de bacterias zoonóticas en crías de la RGI.....	14
2.8	Análisis estadísticos	15
Capítulo 3.	Resultados	16
3.1	Análisis de Tendencia Poblacional	16
3.2	Análisis de condición corporal (ICC) entre loberas	22
3.3	Análisis de relación de la condición corporal (ICC) entre loberas y la temperatura superficial del mar (TSM)	25
3.4	Biodiversidad el microbiota anal de crías de lobo marino de California en la RGI.....	25
3.5	Análisis funcional predictivo de la microbiota anal de crías de lobo marino de California en la RGI.....	31
3.6	Detección de bacterias patógenas en la microbiota anal de crías de lobo marino de California en la RGI.	33
Capítulo 4.	Discusión.....	36
Capítulo 5.	Conclusiones	44
Literatura citada	46	
Anexos	53	

Lista de figuras

Figura	Página
Figura 1. Localización de las seis loberas muestreadas para este estudio, en la región de las grandes islas en el golfo de California.	10
Figura 2. Abundancia de lobos marinos por año y lobera por estadio ontogénico. A) Crías; B) Juveniles; C) Hembras; D) Machos subadultos; E) Machos adultos.	17
Figura 3. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para Crías	18
Figura 4. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para Hembras	19
Figura 5. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para Juveniles	19
Figura 6. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para Machos subadultos	20
Figura 7. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para Machos Adultos	22
Figura 8. Condición corporal (ICC) por periodo de estudio para la RGI.	23
Figura 9. Tendencia del ICC por periodo de estudio para la RGI.	24
Figura 10. Abundancias relativas por <i>phyla</i> bacterianos encontrados en mucosa anal de crías del lobo marino de California de la RGI.	26
Figura 11. Abundancias relativas para familias bacterianas encontradas en mucosa anal de crías de lobo marino de California de la RGI.	27
Figura 12. Abundancias relativas para géneros bacterianos encontradas en mucosa anal de crías de lobo marino de California de la RGI.	29
Figura 13. Gráfica ACP para géneros bacterianos (Abd>80%) de crías de lobo marino de la RGI.	30
Figura 14. Frecuencias relativas para las rutas metabólicas asociadas a la microbiota anal de crías de lobo marinos de California en la RGI.	32
Figura 15. Proporción de secuencias en muestras de microbiota anal de crías de lobo marino de California de la RGI.	34
Figura 16. Proporción de bacterias patógenas por lobera de la RGI.	35

Lista de tablas

Tabla	Página
Tabla 1. Cantidad de datos y valores medios de conteos de lobos marinos en IGBC.....	16
Tabla 2. ANOVA Bayesiano y pruebas post hoc entre loberas por estadio ontogénico.	21
Tabla 3. ANOVA Bayesiano y pruebas post hoc entre loberas y año de estudio. Entre paréntesis se muestra la media de ICC.	24
Tabla 4. Valores de correlación de Pearson (ρ) y valor P para ICC y TSM de las loberas de la RGI, durante la temporada de verano.	25
Tabla 5. <i>Phyla</i> detectados en mucosa anal de crías de lobo marino de California en el año 2019 (proporción).	26
Tabla 6. Abundancias relativas para los géneros bacterianos detectados en mucosa anal de crías de lobo marino de California.	28
Tabla 7. Matriz de carga del ACP, para los géneros bacterianos (abd>80%), en crías de lobo marinos de la RGI.	30
Tabla 8. Matriz de valores obtenidos para el Índice de Shannon (H) entre loberas, sección derecha a la diagonal principal, y valor p para T-Hutcheson, sección izquierda de la diagonal principal. 31	
Tabla 9. Frecuencias relativas de rutas metabólicas para la microbiota anal de crías de lobo marino de California en la RGI.	32
Tabla 10: Cantidad de ASV's de bacterias patógenas por lobera y proporción total. Donde: "no concordancia entre asignadores" (NC), "no patógenos" (NP) y "patógenos" (PA)	33
Tabla 11. Frecuencias relativas de Bacterias Patógenas (P), por lobera de la RGI.	34
Tabla 12. Listado de bacterias categorizadas como patógenas según TRBA-466, para todas las loberas de la RGI.	35
Tabla 13. Valores de ICC y TSM promedio (TSM promedio) para la estación primavera para cada lobera y año de estudio	53
Tabla 14. Cantidad de secuencias detectadas para cada Región Hipervariable secuenciada (HR) para cada pool por lobera en estudio. Donde: Can: Cantiles, Col: Coloradito; Gra: Granito; Mac: Machos; Par: Partido y Ras: Rasito	57
Tabla 15. Ponderación de Jeffrey (1961) para intervalo de valores del Factor de Bayes (BF), adaptado de Ellison, 1996).	74
Tabla 16. Cantidad de secuencias detectadas y asignadas (ASV) y proporción relativa.....	75

Tabla 17. Rutas metabólicas predichas por ASV encontrado. Se muestra el resultado para cada pool por lobera estudiada	78
Tabla 18. Cantidad de especies bacterianas patógenas asignadas por HR, de muestras de mucosa anal de crías de lobo marino de California de la RGI (2018).	126

Capítulo 1. Introducción

El lobo marino de California es considerado uno de los pinnípedos de mayor distribución en el hemisferio norte, se distribuye desde la Columbia británica hasta las costas centrales de México, incluyendo el golfo de California (GC) (Hernández Camacho *et al.*, 2008). Debido a esta amplia distribución y conocimiento amplio de su historia de vida, es que se considera como una especie útil para el monitoreo del impacto del cambio climático, contaminación y alteraciones ecosistémicas (Auriol Gamboa *et al.*, 2010).

En los últimos 30 años se ha observado que la población de lobos marinos (*Zalophus californianus*), ha disminuido en el golfo de California (GC), según algunos autores su abundancia ha disminuido un 44% y el número de nacimientos ha tenido un decremento del 36% (Adame *et al.*, 2020; Pelayo González *et al.*, 2021; Szteren *et al.*, 2006). La causa de este decremento ha sido asociada a diferentes factores; que de forma general pueden ser agrupados como: a) Efectos antropogénicos, tales como disminución y cambios en la disponibilidad de recursos alimenticios por sobrepesca, pesca incidental, y pérdida de hábitat por desarrollos urbanos (Auriol Gamboa *et al.*, 2003; Pelayo González *et al.*, 2021); b) Estrés Ambiental, como pérdida de sitios de descanso y parición por aumento en el nivel del mar; el aumento en la temperatura superficial del mar (TSM) por efecto del Cambio Climático Global y fenómenos relacionados a la interacción océano-atmósfera, como es la oscilación decenal del Pacífico y el NIÑO; el impacto de estas anomalías y fenómenos provocan variabilidad en la TSM en el GC (Baumgartner & Christensen, 1985) y forzamiento de aguas tropicales en la termohalina (Fernández Barajas *et al.*, 1994); el Niño, afecta a los productores primarios en el GC, pero no de forma homogénea, *i. e.* se ha encontrado una reducción en la concentración de fitoplancton en áreas específicas del GC (Santamaría del Ángel y Álvarez-Borrego, 1994), mientras que otros estudios muestran un efecto positivo en las tasas de producción primaria (Valdéz-Holguín y Lara-Lara, 1987) y secundaria (Lavaniegos Espejo & Lara Lara, 1990). Las pesquerías del GC también son afectadas por este evento, en particular se tiene evidencia de la disminución de la disponibilidad de sardinas en el GC central (Velarde *et al.*, 2004), incluso se ha observado el colapso y reubicación de la pesquería de calamar (Lluch Cota *et al.*, 2007). De forma congruente con el concepto de conectividad biológica, otros grupos taxonómicos de esta región resienten los efectos de la ocurrencia del Niño, *e. g.*, las aves marinas (Herrera Cervantes, 2008; Velarde *et al.*, 2004) tal es el caso de la población anidante de pelícano pardo (*Pelecanus occidentalis*) en el GC en años El Niño, la cual muestra disminución de la anidación en las colonias de la RGI y hacia el sur de esta zona mientras que las colonias del Norte del GC muestran efectos negativos menores para la anidación en esta misma fase (Anderson *et al.*, 2017). Particularmente, en los años 2014 a 2016 se observó una disminución drástica y sin precedentes en la

anidación de esta especie (Ramírez-Delgado, Obs. pers) estas alteraciones afectan, como se mencionó en líneas anteriores, la disponibilidad de presas de las cuales se alimenta el lobo marino de California, tanto en cantidad como en calidad, además hay aumento en la inversión energética para conseguir dicho alimento (*i. e.*, los lobos marinos tienen que realizar viajes de mayor duración), provocando también una disminución en el periodo de lactación, que por consecuencia provocará desnutrición, el cual es un factor predisponente para la adquisición de enfermedades, aumentando las tasas de morbilidad, mortalidad y varamientos (Banuet Martínez *et al.*, 2017; Benson & Trites, 2002; Denkinger *et al.*, 2015, 2017; Fritz Trillmich, 1991; Salazar & Denkinger, 2010; Trites & Donnelly, 2003) incluso, el cambio en la arquitectura del paisaje por cambios geológicos (*e. g.*, temblores, derrumbes). Y, c) Efecto de enfermedades, tanto no infecciosas *e. g.* cáncer, como infecciosas *e. g.* leptospirosis, producida por la bacteria zoonótica *Leptospira interrogans* y sus diferentes serovares; este agente infeccioso ha sido asociado a daño renal, falla isquémica y capaz de provocar eventos de mortandad masiva y aborto (Gulland *et al.*, 1996) o brucelosis que es causada por la bacteria *Brucella* spp., considerado como emergente en mamíferos marinos y que es un agente zoonótico y que puede inducir abortos e infertilidad; en mamíferos marinos; se han detectado dos especies nuevas para este género, *B. pinnipedialis* y *B. ceti* (Cloeckaert *op. cit.*), ambos patógenos afectan también al humano, de ahí su categorización como agentes zoonóticos.

Este último tema cobra relevancia al considerar que la ocurrencia de enfermedades emergentes y re-emergentes ha aumentado en años recientes, tanto en magnitud como en variedad, lo que impacta de forma negativa en la estabilidad de poblaciones silvestres, fauna doméstica y humana, además, esta emergencia de enfermedades en vida silvestre tiene una relación directa con el cambio en la ecología del patógeno, del hospedero, o la relación entre ambos (Daszak *et al.*, 2000, 2001; Grenfell & Dobson, 1995). En el contexto de la emergencia de enfermedades, la vida silvestre ha sido considerada como un reservorio importante en la emergencia de patógenos zoonóticos, que pueden causar brotes, que dependiendo de la magnitud de dispersión pueden ser epizooticos (localizados) o de dispersión muy amplia conocidos como panzootias (Daszak *et al.*, 2001), lo que entonces, es indicativo de la importancia de conocer la diversidad y riqueza de especies patógenas en las especies silvestres y que pueden ser consideradas como centinelas ecológicos y de salud pública.

Sin embargo, la ocurrencia y desarrollo de una enfermedad esta mediada por diferentes factores, tanto intrínsecos (*i. e.* virulencia y patogenicidad), como ambientales (Daszak *et al.*, 2000). Aunado a estos factores, la riqueza y diversidad del microambiente bacteriano es capaz de condicionar el desarrollo de una especie patógena, este comportamiento es conocido como Patocenosis, término acuñado por Mirko Drazen Grmerk en 1968 (Bacarlett Pérez, 2004), y se refiere a que “las enfermedades lejos de actuar

aisladamente, configura una realidad de intercambios y de determinación mutualista”, entonces y a manera de corolario es posible decir que el desarrollo de un patógeno está condicionado por la comunidad microbiana patógena que lo rodea en un tiempo y espacio dado.

Cuando se habla de una mucosa, esta comunidad microbiana es conocida como microbiota (Kamada *et al.*, 2013). La microbiota está fuertemente ligada al mantenimiento de la homeostasis del hospedero (Bik *et al.*, 2016), y esto se debe a que estas comunidades coadyuvan en la nutrición, diferenciación tisular y participan de forma activa en la resistencia a la colonización por especies patógenas no solo al funcionar como una barrera física (impedimento estérico), sino de forma bioquímica al promover la secreción homeostática de interleucina-1 beta (IL-1 β), que es una citocina crítica para el reclutamiento de neutrófilos y macrófagos (Kamada *et al.*, 2013); así como promueven el correcto desarrollo del sistema inmunológico (Kamada *et al.*, 2013; Rinninella *et al.*, 2019). Además de los efectos ya descritos, la microbiota también restringe la colonización de la mucosa gracias a rutas metabólicas que tienen efecto en la disponibilidad de nutrientes en el intestino (Kamada *et al.*, 2013).

El cambio en la diversidad bacteriana de la microbiota se conoce de forma genérica como disbiosis, y puede favorecer la ocurrencia de enfermedades con etiología variada desde infecciosas, o fisiológicas como cáncer urogenital en esta fauna (Britton & Young, 2014; Browning *et al.*, 2015). Considerando lo anterior, es imperativo conocer el microbioma en mucosas, (*e. g.* la digestiva), con la finalidad de establecer una línea de referencia (base) y a partir de ella, poder realizar estudios posteriores tanto epidemiológicos, como fisiológicos (*e. g.* metabolismo energético).

Z. californianus californianus es un mamífero marino con tipo de alimentación carnívora; es un pinnípedo perteneciente a la familia Otariidae (Lesson 1828); que se distribuye en el océano Pacífico nor-oriental a lo largo de las costas de la Península de Baja California y el golfo de California (Zavala González & Mellink, 1997) y presenta reproducción poligínica (Hernández Camacho *et al.*, 2021). El ciclo reproductivo de esta especie es anual e inicia en el periodo de abril a mayo, con el arribo de machos adultos los cuales establecen los territorios; finaliza a finales de julio cuando terminan las cópulas (Peterson & Bartholomew, 1967). Las hembras paren una sola cría después de un periodo de gestación de 11 meses, el cual incluye 3 meses de retraso en la implantación del óvulo fecundado, y el periodo de lactancia dura aproximadamente 12 meses (Hernández Camacho *et al.*, 2021). La edad reproductiva de las hembras de lobo marino es a partir de los 4 años hasta los 12 años de edad (Hernández Camacho *et al.*, 2008). Las hembras entran en fase estral dos semanas después del parto, y son receptivas a la cópula (Peterson & Bartholomew, 1967), la cual se realiza preferentemente en tierra, esto es particularmente común en las zonas de reproducción

de Océano Pacífico; en el golfo de California, la cópula se realiza preferentemente en el agua, (Peterson & Bartholomew, *op. cit.*).

Esta especie presenta un marcado dimorfismo sexual en etapa adulta. Los machos adultos (MA) de la especie, pueden alcanzar un peso de hasta 400 kg y medir hasta 2.5 m de largo. Como rasgo característico, los MA presentan una cresta craneal sagital de hasta 5 cm de altura y cuello evidentemente musculoso, su edad es igual o mayor a 10 años. Los machos subadultos (MS) miden entre 1.5 a 2.0 m de longitud, y no presentan un cuello musculoso ni cresta sagital y su edad oscila entre 5 a 9 años. Las hembras adultas (H) son considerablemente más pequeñas, el peso oscila entre 100 a 110 kg y el largo total es aproximadamente 1.8 m. Las crías (C) pesan al nacer aproximadamente 9 kg y miden en promedio 65 cm de largo y son menores a 1 año de edad (Hernández Camacho, 2009; Hernández Camacho *et al.*, 2021); el estadio ontogénico juvenil agrupa a los ejemplares inmaduros, y que presentan morfología no totalmente diferenciada por sexo y están en el intervalo de edad de 1 a 4 años con longitud entre 1 a 1.3 m (Hernández Camacho, 2001, 2009). El lobo marino de California, presenta diferencias morfológicas por sexo, edad, y además muestra una estratificación social (Peterson & Bartholomew, 1967).

Los pinnípedos son animales precociales, las crías nacen con los ojos abiertos y presentan control motriz entre los 10 a 15 minutos post-parto (Peterson & Bartholomew, 1967). Es importante resaltar que la supervivencia de las crías esta dictada por la capacidad de la madre de otorgarle los cuidados y cumplir con los requerimientos nutricionales, los cuales de forma inicial son aportados exclusivamente por la leche materna. Las hembras amamantan a la cría continuamente durante un periodo perinatal de 4-5 días (Hernández Camacho, 2001), y después las hembras realizan salidas de alimentación de aproximadamente 1.3 ± 0.6 días, alternando regresos a la colonia para amamantar a la cría (García Aguilar & Auriol Gamboa, 2003), esta estrategia de cuidado de la cría y alimentación de la madre se conoce como “ciclo de alimentación” (Antonelis *et al.*, 1984). Una vez concluida la temporada de reproducción las hembras generalmente permanecen en las cercanías de las zonas de reproducción a lo largo de todo el año.

En el caso de las loberas de reproducción del GC, existen evidencias de movimientos migratorios en invierno de machos subadultos hacia la parte sur del golfo, mientras que las hembras, permanecen en las cercanías de la zona de reproducción y crianza (Hernández Camacho, 2001). A diferencia de este comportamiento, los lobos marinos principalmente machos adultos y subadultos de la costa oeste de Baja California y California, migran a regiones más septentrionales, y pueden llegar hasta la Columbia Británica para después regresar al final de la primavera; las hembras muestran un comportamiento similar a las hembras en el GC (Hernández Camacho, 2001). El GC alberga 13 loberas de reproducción (Szteren &

Aurioles Gamboa, 2011); esta población está estructurada en 4 grupos considerando patrones de movimiento dentro del GC y población panmítica (González Suárez *et al.*, 2006). Con base a variaciones haplotípicas, la población de lobos marinos de California en el GC se agrupó en tres grupos: golfo Sur, golfo Central y golfo Norte (Schramm *et al.*, 2009).

El objetivo principal de este trabajo es conocer la tendencia de la abundancia de lobos marinos en la región de las grandes islas de injerencia del Área de Protección de Flora y Fauna “Islas del golfo de California” en Baja California (IGCBC), y determinar la microbiota anal en crías de *Z. californianus* en seis loberas de la región central del golfo de California (Fig.1), así como comparar el mosaico microbiano anal entre las loberas del estudio con la intención de identificar si existen similitudes entre las mismas; además y hasta donde el autor tiene conocimiento, este trabajo es el primero que incluye el estudio de microbioma anal en crías de *Z. californianus* en esta región

1.1 Antecedentes

Diversos estudios han evidenciado que la población de lobos marinos de California en el GC presenta una tendencia negativa (Adame *et al.*, 2020; Szteren *et al.*, 2006; Trites & Donnelly, 2003), este comportamiento en las costas mexicanas ha provocado que esta especie sea considerada bajo el estatus de “sujeta a protección especial” por las autoridades mexicanas (NOM-059-SEMARNAT-2010).

Como se mencionó en el apartado anterior, las causa de este decremento no es clara; se ha asociado a efectos antropogénicos como la interacción con pesquerías en el GC (Aurioles Gamboa *et al.*, 2003), así como cambio climático, contaminación, intoxicación por florecimientos algales, disminución en la disponibilidad de presas y cambio en la calidad nutricional de los recursos alimentario (Goldstein *et al.*, 2009; Szteren *et al.*, 2006; Underwood *et al.*, 2008).

También se han conducido estudios sobre la presencia de agentes zoonóticos en la región (Ávalos Téllez *et al.*, 2016; Godínez *et al.*, 1999; Hernández Castro *et al.*, 2005), los cuales detectaron la presencia de *Leptospira* spp., *Brucella* sp., entre otros patógenos, lo que indica que en este ambiente están presentes patógenos que podrían ser un riesgo a la estabilidad poblacional, al aumentar el índice de morbilidad y mortalidad (Daszak *et al.*, 2001). Sin embargo, en el GC, no se ha encontrado evidencia que algunos de esos dos agentes zoonóticos mencionados hayan causado mortandad masiva en esta fauna, como ha ocurrido en las costas de California en la década de 1980 (Gulland *et al.*, 1996). Dentro de las

investigaciones realizadas para conocer los factores involucrados en la salud de una población se ha determinado que el microbioma de mucosa digestiva juega un papel vital. Para esta fauna se han realizado diferentes estudios que han mostrado que existen diferencias en la microbiota del tracto digestivo entre poblaciones y estadios ontogénicos (Bik *et al.*, 2016; Brassea Pérez, 2016; Icaza Chávez, 2013; Nelson *et al.*, 2013), sin embargo, hasta el conocimiento del autor de este documento, este tipo de estudios no se han realizado en crías de esta fauna en las loberas del GC.

Si bien, es aceptada de forma general la tendencia negativa de abundancia de lobos marinos de California en el GC, algunos investigadores han evidenciado que la abundancia de esta especie presenta diferencias por lobera, como lo ejemplifican las loberas de los Islotes (proximales a La Paz, BCS), en donde ha aumentado la abundancia, mientras que por otro lado las loberas como El rasito, San Pedro Mártir y el Coloradito se mantienen estables (Auriol Gamboa *et al.*, 2010; Pelayo González *et al.*, 2021).

Por otro lado, es necesario considerar que el golfo de California (GC) presenta tres regiones definidas con base a características oceanográficas (Marinone, 2003) y de diversidad de macrofauna, estas regiones son definidas como: golfo de California Norte, el cual incluye la zona de influencia del delta del río Colorado, la región de las grandes islas hasta bahía San Francisquito (Baja California) y Bahía Kino (Sonora); golfo de California Central, desde el límite sur de la región norte hasta Guaymas (Sonora) y Punta Coyote (Baja California Sur) y golfo de California Sur, desde el límite sur del golfo central hasta Cabo Corrientes (Jalisco) y Cabo San Lucas (Baja California Sur) (Brusca *et al.*, 2005).

Además se tiene conocimiento de que el GC presenta respuesta diferencial a eventos como “el Niño” o alteraciones océano-atmósfera en ese mismo tipo, y que esta diferencia involucra cambios en la producción primaria del GC (Valdéz Holguín & Lara Lara, 1987) y es extensiva consecuentemente a toda la cadena trófica; y que es además por región o zona del GC, por lo que el comportamiento de las loberas puede estar fuertemente influenciado por la zona del GC donde se encuentren.

1.2 Justificación

Considerando que las loberas en estudio están dentro del área central del GC conocida como Región de las Grandes Islas (RGI), y las condiciones oceanológicas y biológicas en esta zona presentan diferencias con respecto a las demás zonas del GC, además algunos autores han evidenciado diferencias entre la tendencia de la abundancia de lobos marinos de California en este mismo mar sin contar hasta el momento con una

teoría completa sobre las causas que las provocan, por lo tanto es necesario conocer la tendencia de la abundancia por estadio ontogénico, así como el índice de desarrollo ontogénico en la RGI, para cada lobera en estudio. Además, la microbiota podría ser un factor coadyuvante en el desarrollo ontogénico, es necesario evidenciar la presencia de agentes zoonóticos que pueden ser un factor de riesgo epizootico, y pueden funcionar como factor de riesgo a la salud de esta fauna, coadyuvando en la tendencia de abundancia en esta zona. El conocimiento generado a partir de este trabajo, aportaría información importante para el mejor entendimiento de la dinámica de salud de la especie-microbiota-condiciones ambientales. Además, hasta el momento de realización de este estudio, es el primero que estudia específicamente la microbiota de crías de *Z. californianus* en la región.

1.3 Hipótesis

Dada la naturaleza metodológica de esta tesis, se generan cinco hipótesis de trabajo, las cuales son:

- El número de individuos por estadio en las loberas presenta una tendencia a la baja.
- La condición corporal de crías, no varía entre las loberas dado que se encuentran en la misma zona oceanográfica.
- La temperatura superficial del mar es un factor que afecta la condición corporal de crías de lobo marino en la región.
- La diversidad y abundancia bacteriana en mucosa anal es diferente por lobera y, por lo tanto, la diversidad metabólica de la misma.
- Existen bacterias zoonóticas en la microbiota anal que podrían afectar el desarrollo de los individuos, además de ser un riesgo potencial a la salud de esta fauna.

1.4 Objetivos

1.4.1 Objetivo general

Evaluar la tendencia poblacional de *Z. californianus*; y la condición corporal de crías en relación con la Temperatura Superficial del Mar en las loberas de la Región de las Grandes Islas inmersas en la Reserva de

la Biosfera de Bahía de los Ángeles y canales de Ballenas y Salsipuedes y Parque Nacional “Archipiélago de San Lorenzo”. Así como determinar la diversidad de agentes zoonóticos en la microbiota anal, y su similitud entre loberas que pudieran afectar la sobrevivencia de este estadio.

1.4.2 Objetivos específicos

1. Analizar la tendencia poblacional de lobos marinos en las colonias en estudio para el periodo 1999-2019.
2. Obtener y comparar la condición corporal entre loberas.
3. Determinar la relación entre la condición corporal y la TSM de la RGI en el periodo de estudio.
4. Diagnosticar la biodiversidad de la microbiota anal.
5. Analizar la capacidad funcional de la microbiota asociada a mucosa anal.
6. Detectar la presencia de agentes bacterianos zoonóticos.

Capítulo 2. Metodología

2.1 Captura de ejemplares, conteo poblacional y obtención de muestras biológicas

Toda actividad involucrada con el manejo de *Z. californianus* se realizó en colaboración con el Área de Protección de Flora y Fauna “Islas del golfo de California” en Baja California (IGCBC) y la colecta de material biológico bajo la autorización de colecta con fines científicos de la Dirección General de Vida Silvestre (DGVs) de la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT): SGPA/DGVs/003083/18.

Las loberas estudiadas, inmersas en la RGI, fueron: Rasito (28°50' N-112°59'O), El Partido (28°54'N-113°02'O), Los Machos (29°17'N-113°29'O), Los Cantiles (29°30'N-113°29'O, Granito (29°33'N-113°32'O) y el Coloradito (30°02'N-114°29'O) (Fig. 1). La primera acción realizada fue el conteo de ejemplares por estadio ontogénico (Machos Adultos, Machos subadultos, Hembras, Juveniles y Crías), esto se realiza a bordo de una embarcación menor con motor fuera de borda a una distancia no menor de 30 m de la línea de costa y una velocidad no mayor a 2 nudos, el registro de la cantidad de individuos por estadio ontogénico se registra mediante contadores manuales (cuenta bultos), se incluyen los ejemplares en agua. Una vez concluido el conteo, se define la zona de arribo a la playa, en donde se instala el campamento de trabajo. Se localizan las crías y se comienza la captura, los ejemplares capturados son retenidos de forma manual y colocada en redes tipo mariposeras, para el traslado al campamento, donde el sujeto es inducido al plano anestésico mediante anestesia inhalada con isofluorano al 5% bajo la dirección del MVZ. Osvaldo Martínez (Zoológico Africam Safari, Mex.), una vez que el individuo alcanzó dicho plano, se toman datos morfométricos (Largo total, diámetro abdominal) y peso. Concluida la obtención de los datos morfométricos y peso, se colectaron las muestras de mucosa anal mediante hisopo estéril de algodón, previa asepsia de la región externa anal y perianal con agua destilada estéril. Todas las muestras fueron preservadas en Nitrógeno líquido hasta su posterior utilización.

2.2 Análisis de tendencia poblacional

Los datos históricos de abundancia de esta fauna marina en la RGI fueron proporcionados por IGCBC y comprende el registro en el periodo 1999 a 2019. Dada la naturaleza de recolección de datos que implica

dependen de las condiciones climáticas en la RGI, no se cuenta con la totalidad de datos tanto de conteos poblacionales como de datos morfométricos, esto es debido a que para algunos años y algunas loberas, las condiciones oceánicas impidieron que se pudiera realizar la aproximación a las loberas e incluso la navegación; por lo anterior, la base de datos proporcionada fue depurada para trabajar con los años que tuvieran información tanto para conteo poblacional como y de forma independiente, para el análisis de datos morfométricos

Una vez que la base de datos solo contó con valores para conteo poblacional, el cálculo de estadísticas básicas y análisis de tendencia de abundancia se realizó por medio de una regresión lineal simple, usando software R (v 4.2.1) y la interfaz Rstudio v 2022.02.3 (2009-2022 Rstudio PBC).

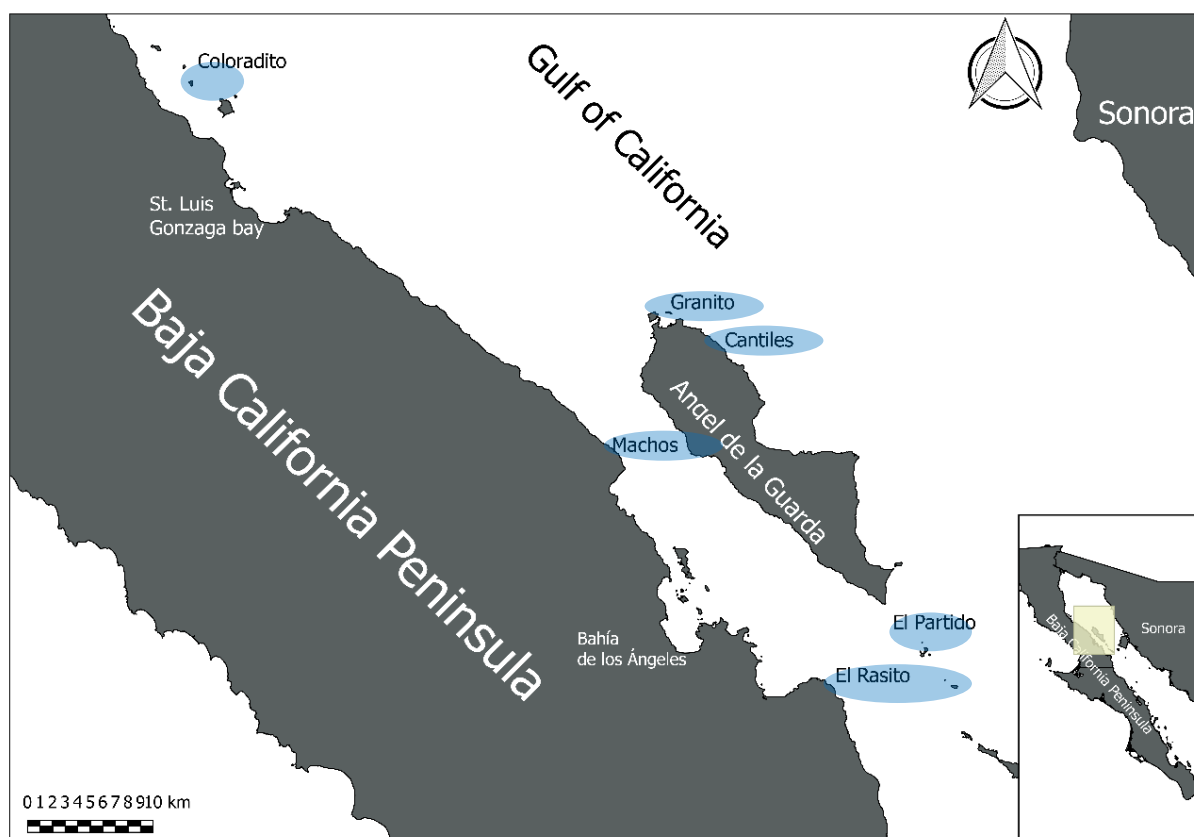


Figura 1. Localización de las seis loberas muestreadas para este estudio, en la región de las grandes islas en el golfo de California.

2.3 Análisis de condición corporal de crías de lobo marino

El análisis de condición corporal se evaluó con base al Índice de Condición Corporal (ICC), el cual se calculó para cada lobera en estudio y que compara el peso de cada individuo contra el peso esperado de una

población dada, y el peso esperado se obtiene mediante la regresión lineal del peso con respecto al largo total (Trites & Jonker, 2000), esto es:

$$ICC = \frac{W}{\bar{W}} \quad (1)$$

Considerando que:

$$\bar{W} = \beta_0 + \beta_i(lt) + e_i \quad (2)$$

Donde:

ICC: Índice de Condición Corporal

W: Peso (kg) de cada individuo

$\bar{W}$: Peso esperado de la población estudiada

β_0 : Estimador para la ordenada al origen

β_1 : Estimador de la pendiente de la recta

(lt): Largo total del ejemplar (cm)

e_i : Error aleatorio

2.4 Análisis de relación entre la Temperatura Superficial del Mar (TSM) y el Índice de Desarrollo Corporal (ICC)

Se obtuvo la TSM para la región marina proximal a cada lobera en estudio para el periodo (2003-2020), mediante el algoritmo SeaDas (v8.3.0, NASA) (Tabla 13), sin embargo, esto solo se usaron los datos de TSM para el periodo 2008-2019 debido a que fueron los años en donde todas las loberas tuvieron los datos de peso y largo total para la obtención del ICC mediante ecuaciones 1 y 2. Con estos datos se calculó la TSM media para cada lobera y año del periodo en estudio para los meses de julio a agosto (Anexo 3), que corresponden al verano que es la temporada en que se dan de nuevo las cópulas y las hembras se alimentan de forma intensa para prepararse para la gestación. Se realizó un ANOVA Bayesiano (ANOVA-B) entre los meses mencionados anteriormente por lobera y año. Se realizó la prueba de correlación de Pearson, para cada lobera y la TSM.

2.5 Determinación de diversidad de la microbiota anal

2.5.1 Extracción y Purificación de DNA.

Se extrajo el DNA bacteriano de los hisopos anales colectados por individuo y lóbera mediante el protocolo descrito por González-Sánchez *et al.* (2021), el cuál fue desarrollado en el laboratorio de Innovación Biomédica del CICESE, dada la naturaleza compleja de las muestras anales; y es el resultado de la iniciativa de poder obtener DNA de calidad para los procesos posteriores de secuenciación e identificación de especies. Básicamente, este procedimiento acopla dos procesos de extracción y purificación de DNA, con principios extractivos diferentes, uno es mediante extracción por solventes orgánicos en base acuosa y el segundo por cromatografía en columna, empleando los kits comerciales Wizard Genomic DNA Purification (Promega Corporation WI, USA) y el kit PureLink Genomic DNA (Life Technologies CA, USA) (González Sánchez *et al.*, 2021). La concentración final de DNA fue cuantificada mediante espectrofotómetro NanoDrop (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) y la calidad fue visualizada mediante electroforesis en gel de agarosa (1.5%).

2.5.2 Secuenciación y construcción de librería de referencia

Antes de llevarse a cabo la secuenciación, el DNA extraído de cada hisopo y lóbera fue cuantificado y normalizado (50 ng/μl) y se crearon “pools” compuestos por 3 individuos de cada lóbera, resultando en 18 pools de DNA (3 por lóbera). La amplificación subsecuente se realizó mediante el Kit 16S™ Metagenomics (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA), usando las especificaciones del fabricante. Este sistema amplifica las regiones hipervariables V2, V3, V4, V6-7, y V9 del DNA ribosomal 16 S, mediante “primers” específicos para cada región. El proceso de amplificación se realizó mediante 25 ciclos de PCR con adaptadores para el sistema Ion Torrent, (Xpress Barcoded adapters). La secuenciación fue realizada usando el secuenciador masivo Ion Torrent PGM usando el chip Ion 510 chip Kit (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA). El control de calidad de los productos de secuenciación fue realizado con el software Torrent Suit v 4.2.1 Ion Reporter Metagenomics 16S (v 5.2). Las librerías DNA se depositaron en el Centro Nacional para información Biotecnológica (NCBI), Bioproject PRJNA715917 (Ramírez Delgado *et al.*, 2022).

2.5.3 Análisis bioinformáticos

Los datos crudos, fueron inicialmente ajustados en longitud (Trimmed), usando el software Trimmomatic (v 0.38; Bolger, Lohse & Usadel 2014), con los siguientes parámetros (se usarán los términos en inglés por ser de mayor uso en esta área específica): Leading 3; Trailing 3; Slidingwindow 4:15 y Minlen 150. Las lecturas ajustadas con estos valores fueron importadas a QIIME 2, v 2020.6 (Quantitative Insight Into Microbial Ecology). La detección de quimeras y limpieza fue realizada mediante el software Dada 2, y se analizaron como Variantes de Secuencia del Amplicón (Amplicon Sequence Variants, ASV). Las ASV's de cada Región hipervariable del gen 16 S fueron filtradas usando VSearch (Rognes *et al.*, 2016), y probadas para librería 16S en el Ion reporter Software. La alineación de los ASV se llevó a cabo mediante el programa MAFFT (v 7); la reconstrucción filogenética fue hecha mediante el software fastTree (v 2.1). La posición taxonómica de cada ASV fue obtenida mediante el clasificador BLAST usando la librería SILVA (v 132). Se removieron ASV espurios y ASV únicos de la base de datos. Cada región fue sujeto de un proceso de rarefacción usando el plugin “core-metrics phylogenetic” de QIIME 2.

Una vez depuradas las secuencias de cada librería para cada región hipervariable (Tabla S2), se agruparon los resultados por especie y se contabilizó la frecuencia de detección, generándose una única lista de especies detectadas por lobera.

2.6 Predicción metabólica funcional en crías de la RGI

La predicción funcional metabólica se realizó usando los ASV encontrados, se llevó a cabo mediante el programa PICRUSt (v 2.2.0) (Caicedo *et al.*, 2020). Las abundancias relativas para cada ASV detectado fueron normalizadas al número de copias del gen 16 S del genoma de referencia de cada especie bacteriana encontrada. La obtención de las rutas metabólicas se realizó por comparación con las secuencias de referencia ortólogas archivadas en la Base KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomas). Para efectos de control de calidad, se determinó el índice de taxón secuenciado proximal (NSTI, por sus siglas en inglés), acorde a lo descrito por Douglas *et al.* (2019), ASV con NSTI > 2 fueron eliminados del análisis.

2.7 Detección de bacterias zoonóticas en crías de la RGI

Las secuencias genómicas amplificadas mediante el sistema Ion Torrent, fueron procesadas de primera instancia con el software Ion Reporter Metagenomics 16S (v 5.2) para la eliminación de los adaptadores y filtrar aquellas secuencias cuyo valor de calidad fuera menor a 20. Las librerías de DNA curadas fueron agrupadas por loba y procesadas por el método de “single-end-mode” mediante el programa Trimmomatic, con base en los siguientes parámetros: AvgQual 25, Leading 3; Trailing 3, Slidingwindow 4:15 and Minlen 150, posterior a esta depuración, las secuencias fueron filtradas y se eliminaron quimeras mediante DADA 2 v 1.16; las secuencias obtenidas (ASV's) con frecuencia de lectura menor a 15 fueron excluidas del análisis. Dado que el sistema Ion Torrent amplifica 6 regiones hipervariables del DNA 16S, se agruparon los ASV's coherentes para cada una de ellas, los conjuntos de ASV's así generados fueron alineados usando el gen 16S contra el gen 16S de referencia *Streptococcus mutans* (Genbank DQ677761) usando MAFFT v 7.313, mediante la implementación del plugin “addfragments”.

Dada las limitaciones propias de los clasificadores existentes a la fecha de realización de esta tesis, y debido a la necesidad de contar con identificación a nivel de especie de los ASV detectados en las muestras de mucosa anal analizadas, este análisis se llevó a cabo por medio de dos clasificadores, inicialmente la clasificación taxonómica de los ASV's fue mediante el programa RDP classifier en Dada 2 v 1.1.16, usando la base SILVA (v 138) como referencia, y se activó la función addSpecies con la finalidad de aumentar la exactitud taxonómica y extender la capacidad de asignación al nivel taxonómico de especie (Callahan *et al.*, 2016). Los ASV que no tuvieron asignación fueron descartados como organismos patógenos. De forma “paralela” se empleó el clasificador Pplacer v 1.1 (Matsen *et al.*, 2010). Se realizó la asignación mediante la reconstrucción filogenética para las especies patógenas empleando como referencia la lista de bacterias patógenas TRBA-466 (Aussschuss für Biologische Arbeitsstoffe (ABBAS), 2015/2015) (Committee on Biological Agents (ABBAS), 2010). Las secuencias de referencia de bacterias patógenas para humanos fueron descargadas del NCBI Genbank, para los análisis filogenéticos posteriores. La alineación de estas se realizó usando MAFFT v 7.313 (Katoh & Standley, 2013), se compararon mediante el método de máxima verosimilitud mediante RAxML v 8.2.10 (Stamatakis, 2014).

Finalmente se compararon las asignaciones taxonómicas para cada ASV obtenida por cada uno de los clasificadores, y se agruparon en tres diferentes clasificaciones: i) Bacterias patógenas (P), que son aquellas que fueron agrupadas como patógenas con ambos clasificadores; ii) Bacterias no consistentemente patógenas (NC), que son fueron aquellas bacterias cuyo asignación no es coherente entre ambos

clasificadores, y iii) Bacterias NO patógenas (NP), aquellos ASV's que no fueron asignados como patógenos al humanos por ninguno de los clasificadores.

2.8 Análisis estadísticos

Se emplearon técnicas de estadística clásica y Bayesiana, ambas empleando los software R (v 4.2.1), RStudio (v 2022.02.3) (2009-2022 RStudio, PBC), JASP (v 0.16.3; JASP Team) y Statistica (v 8.0; StatSoft, Inc. 198-2007).

La conclusión para el contraste de hipótesis para los análisis bayesianos se realizó mediante el cálculo del factor de Bayes (BF), el cual se define como la razón de la probabilidad de obtener datos que han ocurrido dado un evento, sobre la probabilidad de obtener datos que han ocurrido dado el complemento del evento. BF puede ser interpretado como la razón de la probabilidad de un modelo sobre otro, para el caso de contraste de hipótesis, entonces puede ser interpretado como la razón entre la Hipótesis nula (H_0), y la hipótesis alterna (H_a) (Ellison, 1996), es decir:

H_0 : no existen diferencias entre las medias poblacionales

H_a : las medias poblacionales son heterogéneas

$$\textbf{Factor de bayes} = \frac{\text{Modelo 1P (Hipotesis alterna)}}{\text{Modelo 2P (Hipotesis nula)}} \quad (3)$$

La ecuación (3) es denotada como BF_{10} , e implica, el número de veces de que la probabilidad de (H_a) con respecto a H_0 . En 1961, Jeffrey aportó a la estadística bayesiana una forma discreta de ponderar la variable continua BF_{10} (Ellison, 1996). Este autor genera intervalos para BF_{10} que definen una conclusión no formal sobre la evidencia para el modelo en el numerador del cociente en 3 (Tabla 15), para el caso de esta tesis, dicho numerador siempre será representado por H_0 .

Es prudente puntualizar que dado que es un cociente, es posible la existencia de caso donde $BF_{10}=1$; este valor implica que ambas hipótesis tiene la misma probabilidad de ocurrencia.

Capítulo 3. Resultados

3.1 Análisis de tendencia poblacional

Como se mencionó en el apartado de Metodología, la base de datos de conteo poblacional para las loberas de reproducción de IGCBC, se depuró eliminando las entradas de año que no tenían datos. Las loberas estudiadas fueron: Cantiles (can), Coloradito (col), Granito (gra), Los Machos (mac), El Partido (par), y El Rasito (ras) (Fig. 1); en la Tabla 1, se muestra la cantidad de años de estudio y la media de conteo para cada estadio ontogénico (Machos adultos (MA), Machos subadultos (MS), Hembras (H), Juveniles (J), Crías (C)) .

Tabla 1. Cantidad de datos y valores medios de conteos de lobos marinos en IGCBC.

Lobera	Años (N)	Crías	Hembras	Juveniles	Machos adultos	Machos subadultos
Cantiles	16	167.48 ± 56.15	231.14 ± 83.3	128.86 ± 50.22	52.29 ± 21.2	36.33 ± 13.88
Coloradito	15	354.4 ± 140.34	610.07 ± 285.56	287.73 ± 192.1	130.27 ± 46.9	48.8 ± 26.18
Granito	16	215.62 ± 77.5	303.9 ± 94.98	179.05 ± 75.01	79.86 ± 38.4	75.33 ± 43.38
Machos	13	179.22 ± 89.69	304.67 ± 107.73	158.33 ± 91.89	49 ± 29.04	61 ± 55.81
Partido	16	109.38 ± 26.57	234.24 ± 96.53	159.29 ± 83.96	20.9 ± 6.68	28.05 ± 17.32
Rasito	16	60.33 ± 23.14	130.43 ± 39.17	95.52 ± 52.76	12.67 ± 5.14	21.67 ± 17.38

La abundancia para cada estadio ontogénico por lobera tuvo un comportamiento diferente; en el caso de Crías, se observó que todas las loberas, al parecer, presentan un comportamiento oscilante en cuanto a la abundancia; la lobera Coloradito es la que presentó la mayor cantidad en el periodo de estudio, pero además se observó que la cantidad de Crías en esta lobera muestra un comportamiento descendente (Fig 2.A), comportamiento que se replica en las demás loberas; las hembras mostraron un comportamiento similar, *i. e.* la lobera con mayor abundancia fue la lobera de Coloradito con una fuerte tendencia aparentemente hacia la baja (Fig. 2C). El comportamiento observado para el periodo de análisis, es similar para los estadios ontogénicos de juveniles, machos subadultos y machos adultos; es importante señalar que para el caso de machos subadultos la mayor abundancia se observó en la lobera Granito (Fig. 2 B, D, E).

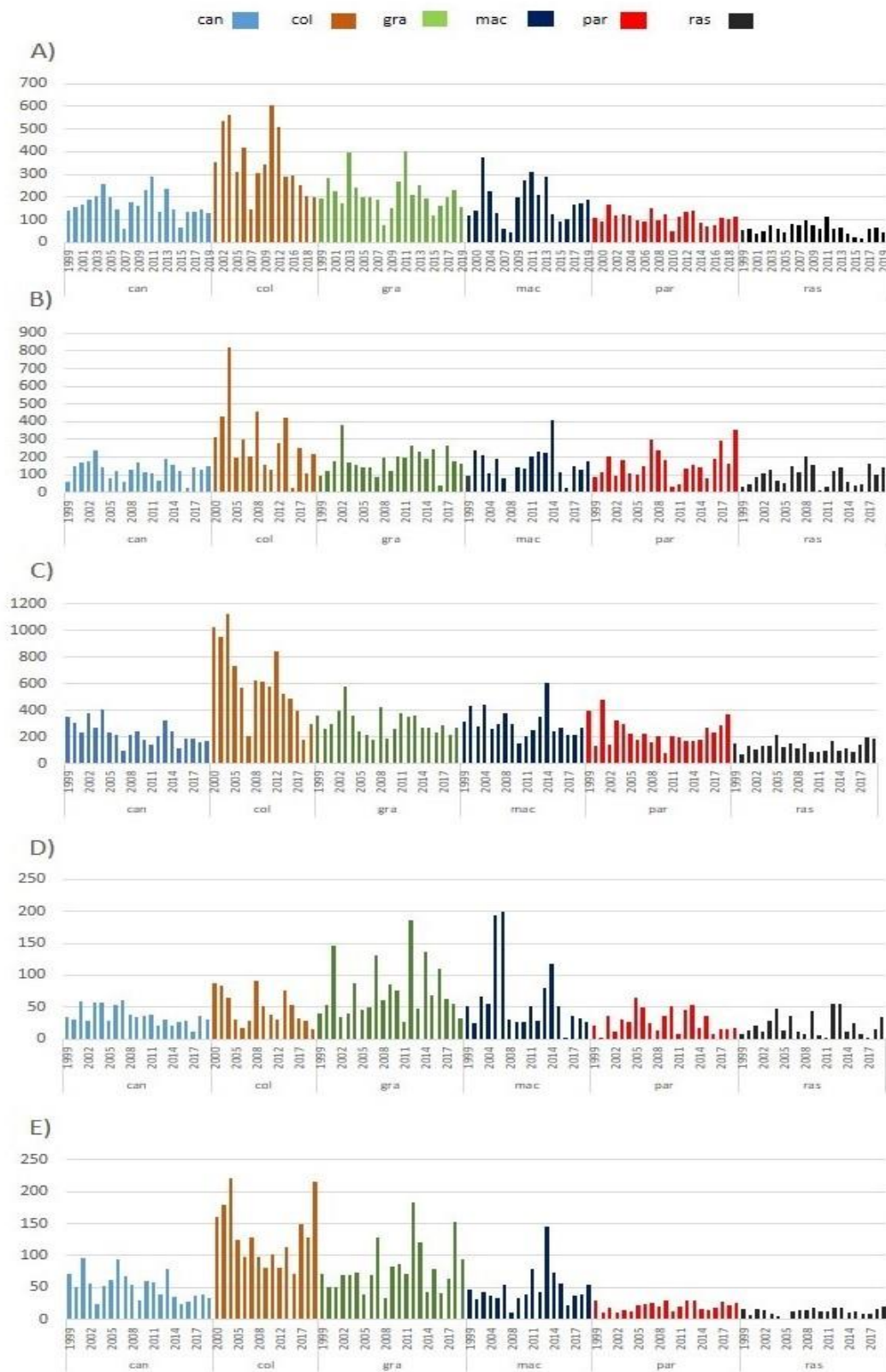


Figura 2. Abundancia de lobos marinos por año y lopera por estadio ontogénico. A) Crías; B) Juveniles; C) Hembras; D) Machos sudadultos; E) Machos adultos.

El análisis de tendencia en abundancia para cada estadio ontogénico, evidencia que estos se comportan de forma particular; las crías mostraron una tendencia descendiente en las seis loberas; la lobera Coloradito muestra la tendencia negativa de mayor magnitud (Fig. 3).

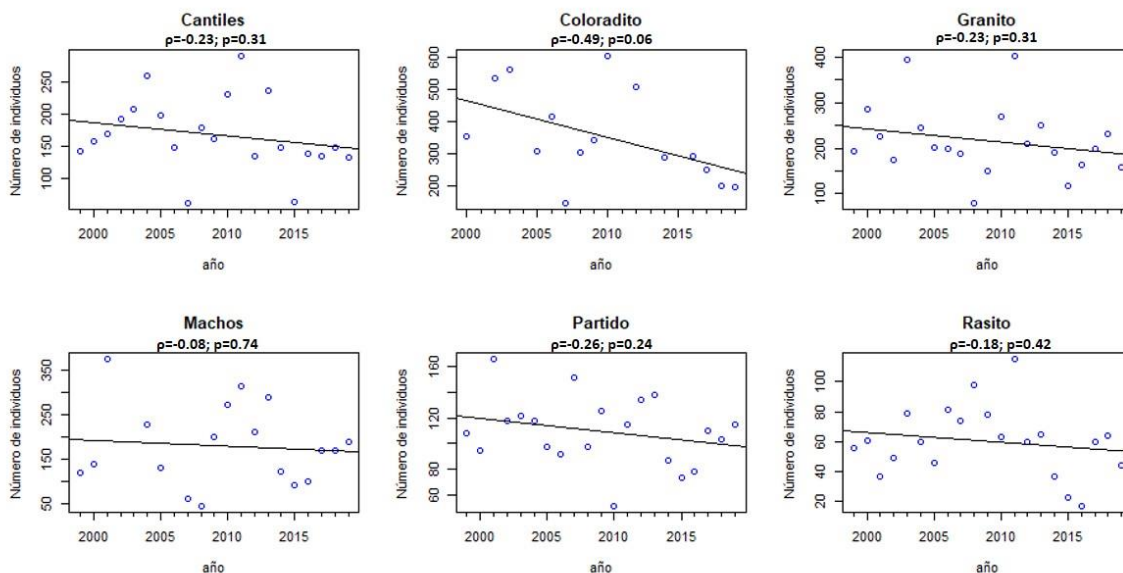


Figura 3. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para **Crías**.

Para el caso de hembras (H), esta estrategia de análisis en abundancia, evidencia un comportamiento asincrónico entre la lobera Rasito, que presenta una tendencia aparentemente positiva, para el caso del conjunto de las loberas restantes (can, col, gra, mac, par) muestra una tendencia negativa aparente, siendo Coloradito aquella lobera donde se observó la tendencia negativa de mayor magnitud (Fig 4).

La clase Juveniles muestra un comportamiento también no homogéneo entre las loberas, *i. e.* las loberas Cantiles y Coloradito, presentaron un comportamiento aparentemente “a la baja”, mientras que las loberas Granito, Partido y Rasito, observaron un comportamiento relativo contrario, *i. e.* tendencia positiva; la lobera Machos, muestra al parecer una tendencia relativa estable (Fig. 5).

Para el estadio ontogénico de Machos subadultos, se observó un comportamiento similar, no coherente entre loberas, con dos tipos de tendencias; por un lado las loberas Cantiles, Coloradito, Machos y Partido, evidenciaron una tendencia relativa a la baja, mientras que las loberas Granito y Rasito, mostraron una tendencia positiva (Fig. 6).

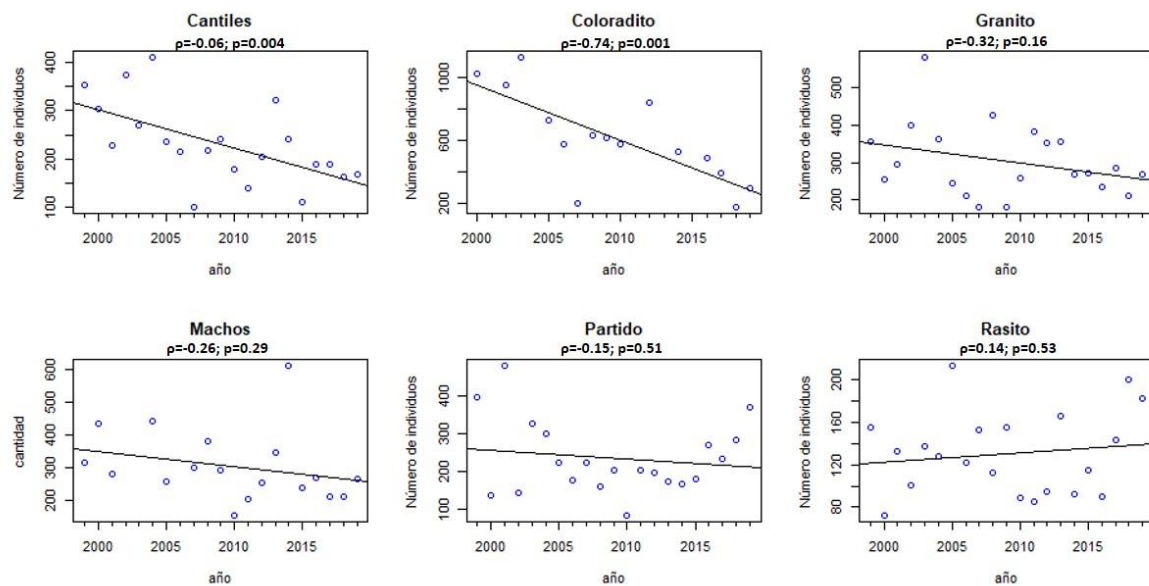


Figura 4. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para **Hembras**.

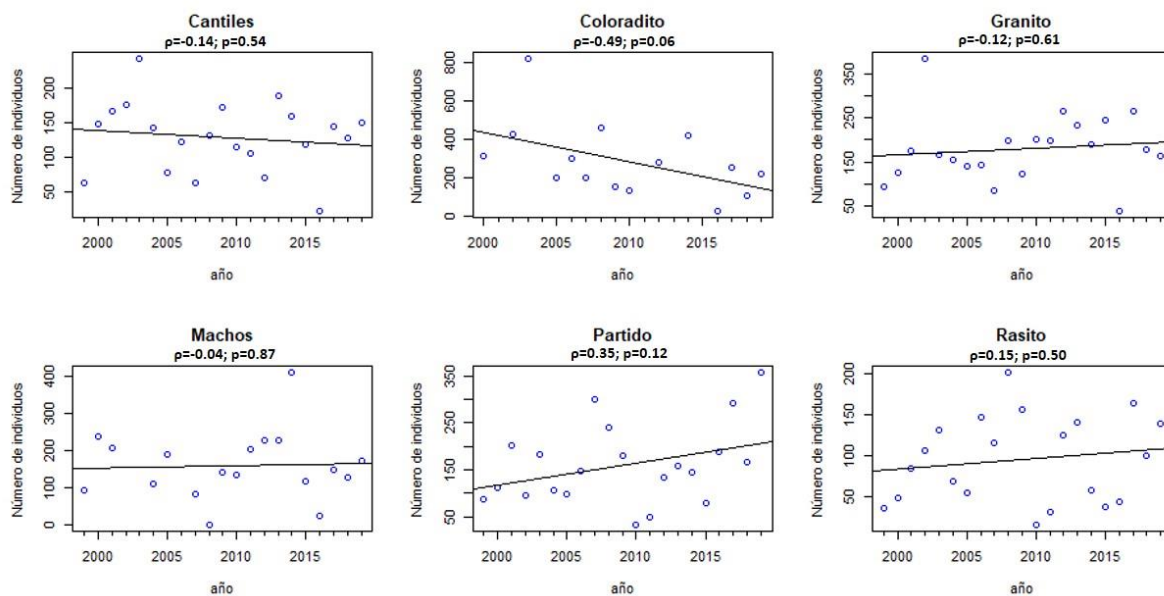


Figura 5. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para **Juveniles**.

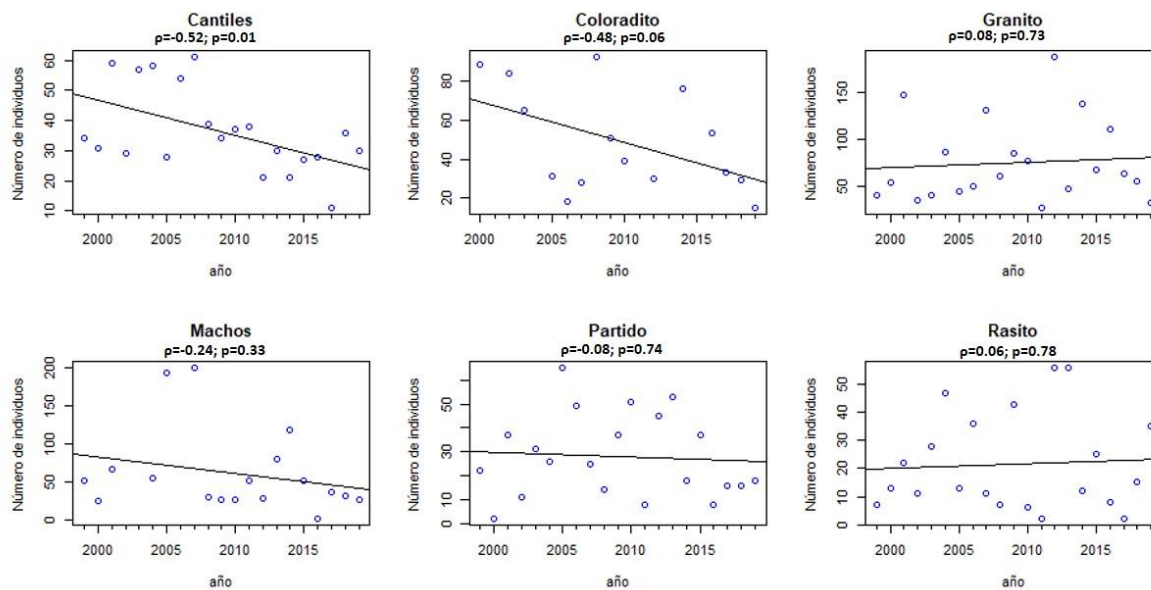


Figura 6. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para **Machos subadultos**.

Por último, el comportamiento de la cantidad de Machos adultos mostró que las loberas con tendencia a la baja fueron Cantiles y Coloradito, mientras que Granito, Machos, Partido y el Rasito mostraron una tendencia positiva (Fig. 7).

El resultado de la prueba ANOVA de tipo bayesiano (ANOVA-B), evidenció que existen diferencias entre todas las loberas (Tabla 2). El estadio ontogénico Crías, evidenció que hubo evidencia decisiva de la existencia de diferencias entre las loberas Coloradito y Rasito ($BF > 100$). En contraste, la menor probabilidad de existencia de diferencias, se encontró entre las loberas Coloradito y Granito ($BF = 28.72$). Es interesante resaltar que las loberas Partido y Rasito presentaron evidencia significativa de existencia de diferencias ($BF = 1739.83$), y son loberas situadas una frente a otra (Tabla 2, Fig. 1).

El estadio Hembras y Machos adultos, mostraron un comportamiento similar al que se encontró para Crías, *i. e.* las loberas Partido y Rasito presentaron fuerte evidencia de que hubo diferencias entre ellas ($BF = 28.24$ y $BF = 52.33$, respectivamente; Tabla 2). El comportamiento observado en el estadio ontogénico Juveniles evidenció valores relativamente bajos para el factor de Bayes, pero igualmente evidencia de substancial a fuerte, la existencia de diferencias para las loberas Cantiles-Coloradito, Coloradito-Rasito y Partido-Rasito ($BF = 9.58, 21.8, 4.35$, respectivamente).

Sin embargo, para este estadio ontogénico no se observaron diferencias de las loberas Machos y Granito entre ellas mismas, o con respecto a las demás (Tabla 2).

Tabla 2. ANOVA Bayesiano y pruebas post hoc entre loberas por estadio ontogénico.

ANOVA BAYESIANO		POST HOC		
Estadio	BF ₁₀	Loberas		BF ₁₀
Crías	7.81E+13	Can	Col	1076.3
		Col	Gra	28.72
			Mac	212.86
			Par	43794.05
			Ras	801047.08
		Gra	Par	947.14
			Ras	289027.19
Juveniles	89.99	Mac	Ras	649.85
		Par	Ras	1739.83
		Can	Col	9.58
		Col	Ras	21.8
		Par	Ras	4.35
Hembras	269E+10	Can	Col	944.34
			Ras	161.17
		Col	Gra	71.43
			Mac	17.82
			Par	1031.6
			Ras	19381.17
		Gra	Ras	1451.05
Machos subadultos	195.79	Mac	Ras	704.36
		Par	Ras	28.24
		Can	Gra	24.77
			Ras	4.57
		Col	Ras	30.85
Machos adultos	6.59E+15	Gra	Par	69.8
		Gra	Ras	328.12
		Can	Col	14995.87
			Gra	4.33
			Par	1075.75
			Ras	79560.93
		Col	Gra	7.84
			Mac	10519.45
			Par	6.11E+06
			Ras	2.94E+07
		Gra	Mac	8.71
			Par	1067.86
			Ras	6827.3
		Mac	Par	56.99
			Ras	5177.99
		Par	Ras	52.33

Para Machos subadultos, de igual forma, se obtuvo evidencia de sustancial a fuerte para la mayoría de las loberas, excepto en el caso de la comparación Granito-Rasito, donde esta fue decisiva. Sin embargo, para este estadio, no se encontró evidencia de la existencia de diferencias entre las loberas Machos y Partido con respecto a las demás o entre ellas mismas, es resaltable el hecho de que este estadio ontogénico, no presentó diferencias para el par de loberas Partido-Rasito (Tabla 2).

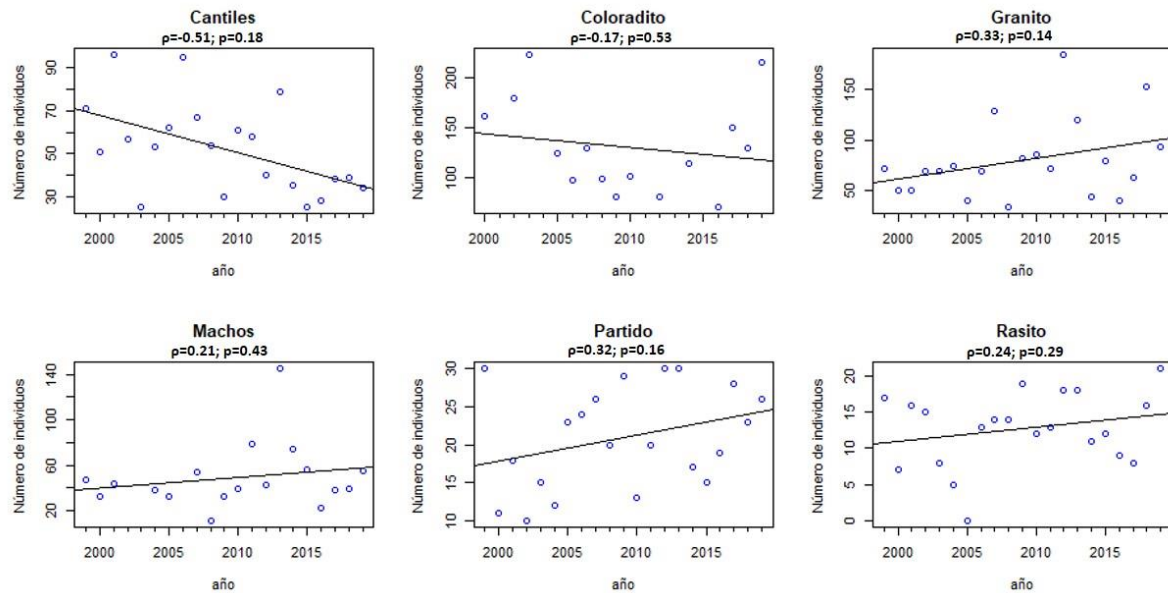


Figura 7. Tendencia de la abundancia de las seis loberas de la RGI para **Machos Adultos**.

Sin embargo, para este estadio ontogénico no se observaron diferencias de las loberas Machos y Granito entre ellas mismas, o con respecto a las demás (Tabla 2). Para Machos subadultos, de igual forma, se obtuvo evidencia de sustancial a fuerte para la mayoría de las loberas, excepto en el caso de la comparación Granito-Rasito, donde esta fue decisiva. Sin embargo, para este estadio, no se encontró evidencia de la existencia de diferencias entre las loberas Machos y Partido con respecto a las demás o entre ellas mismas, es resaltable el hecho de que este estadio ontogénico, no presentó diferencias para el par de loberas Partido-Rasito (Tabla 2).

3.2 Análisis de condición corporal (ICC) entre loberas

Se calculó el ICC para cada lobera y sexo con base a (1), y se corroboró si existía evidencia de la presencia por sexo mediante prueba T-Bayesiana; dado que el resultado del contraste mostró que no hay evidencia

de diferencias entre ambos sexos para este índice ($BF_{10} = 5.22 \times 10^{-4}$) se decidió agrupar todos los valores de ICC por lobera para realizar el análisis de este indicador. El comportamiento del Índice de Condición Corporal (ICC) que se observó para cada lobera se muestra en la Fig. 8. De esta figura se puede apreciar que el comportamiento del ICC, aparentemente muestra valores altos en los años 2008 y 2009, con una reducción de este hacia el final del periodo de estudio; en este contexto el ICC menor se observó para la lobera Machos en el año 2011 (Fig. 8).

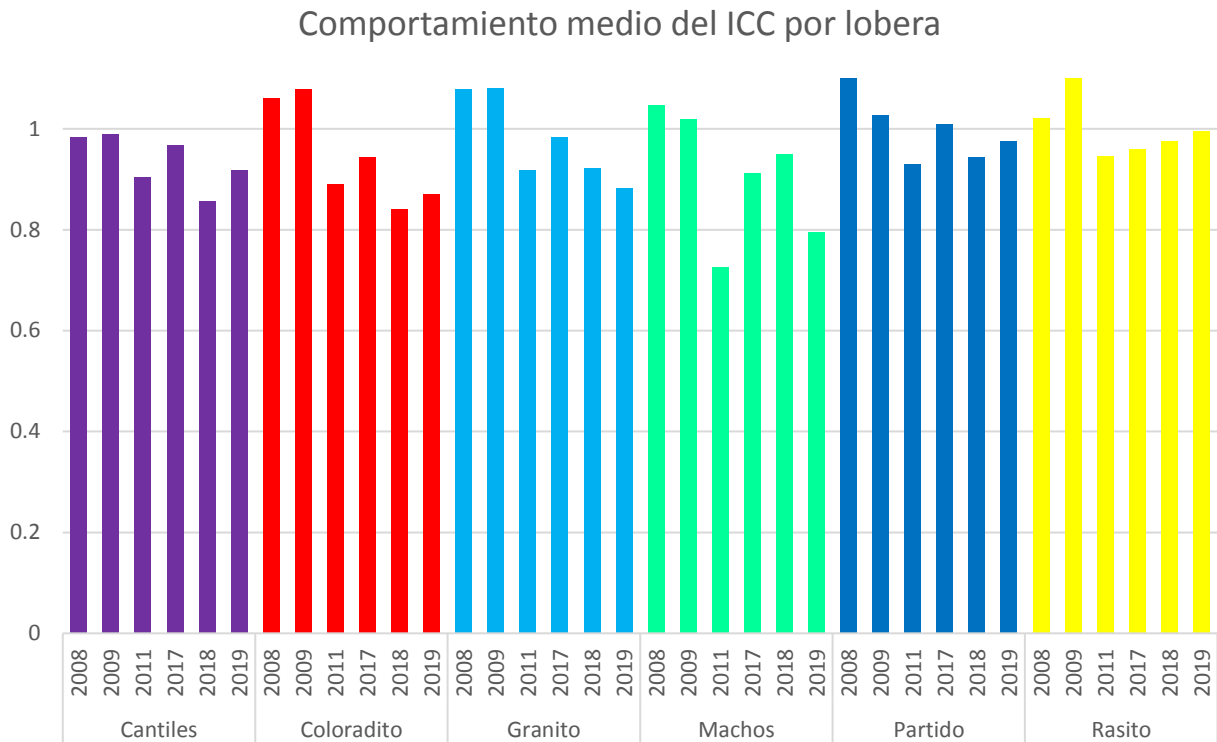


Figura 8. Condición corporal (ICC) por periodo de estudio para la RGI.

Con el comportamiento observado de forma empírica (Fig. 8) para el ICC, se verificó la tendencia de este índice para cada lobera mediante el cálculo de la regresión lineal tanto por estadística clásica como bayesiana (Fig. 9); empleando el ICC promedio por año para cada lobera y considerando solo los años que tuvieron representatividad para las seis loberas, se encontró que de forma aparente, solo la lobera Coloradito muestra una tendencia en el ICC negativa para los años analizados (Fig. 9b), las demás loberas se comportaron de forma aparentemente estable (Fig. 9 A, C, D, E, F).

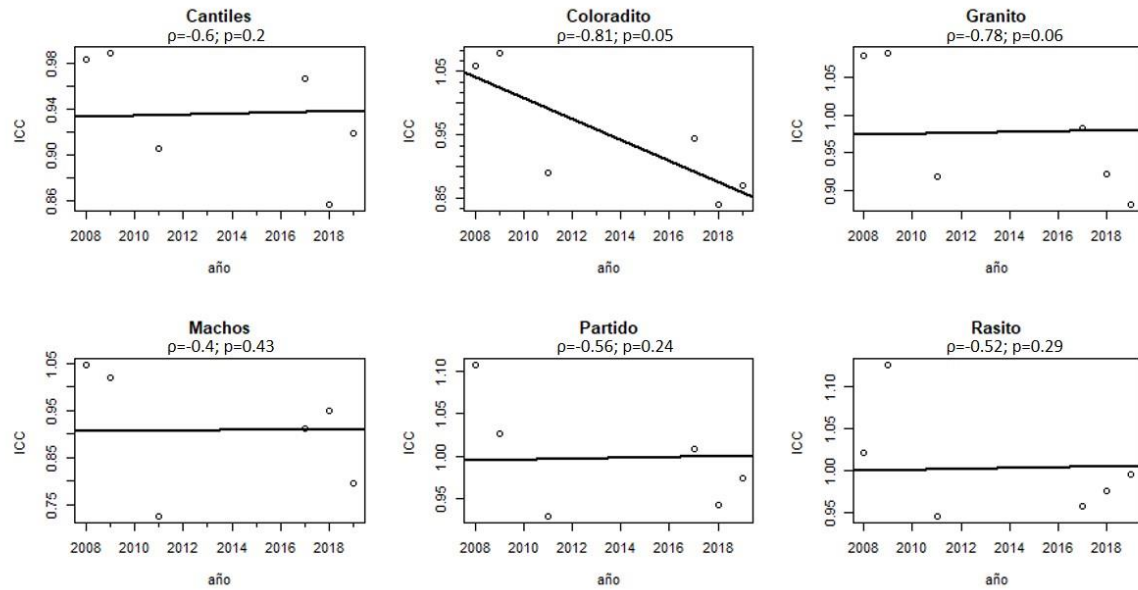


Figura 9. Tendencia del ICC por periodo de estudio para la RGI.

Tabla 3. ANOVA Bayesiano y pruebas post hoc entre loberas y año de estudio. Entre paréntesis se muestra la media de ICC.

ANOVA BAYESIANO		POST HOC		
Factor	BF ₁₀	Años		BF ₁₀
Año	1.91E+06	2008 ($\bar{x}$ =0.96)	2011 ($\bar{x}$ =1.00)	240.73
			2018 ($\bar{x}$ =1.01)	709.11
			2019 ($\bar{x}$ =1.01)	779.405
		2009 ($\bar{x}$ =1.03)	2011 ($\bar{x}$ =1.00)	1363.147
			2017 ($\bar{x}$ =0.98)	65.857
			2018 ($\bar{x}$ =1.01)	3810.121
			2019 ($\bar{x}$ =1.01)	5806.538
Factor	BF ₁₀	Loberas		BF ₁₀
Lobera	109.68	Ras ($\bar{x}$ =0.97)	Can ($\bar{x}$ =1.01)	24.514
			Col ($\bar{x}$ =0.939)	24.531
			Mac ($\bar{x}$ =1.01)	11.866
			Par ($\bar{x}$ =1.00)	107.085

La comprobación de la existencia de diferencias probabilísticas entre ICC por lobera fue mediante la prueba ANOVA-B; este análisis mostró que hay evidencia decisiva que apoya la hipótesis de que existen diferencias entre loberas y años, y tales diferencias se observaron para los años 2008 y 2009 con respecto

a los demás, y la lobera con ICC probabilísticamente diferente a todas las demás, fue la lobera del Rasito (Tabla 3).

3.3 Análisis de relación de la condición corporal (ICC) entre loberas y la temperatura superficial del mar (TSM)

Con los datos de TSM y agrupados como se describió en el apartado correspondiente en metodología, se verificó la existencia de diferencias en la TSM media de verano por año de estudio y lobera; el resultado de esta prueba mostró que no hay evidencia probabilística de la existencia de diferencias entre TSM por año, o en términos de Jeffreys (Tabla 15), que esta evidencia es circunstancial ($BF_{10} = 0.118$), sin embargo hay evidencia contundente de la existencia de diferencias entre loberas ($BF_{10} = 7.02 \times 10^{14}$). Con base a este resultado se obtuvo la media de la TSM para cada lobera para todo el periodo de estudio; con este valor se realizó el análisis de la posible relación entre el ICC y la TSM mediante la prueba de correlación de Pearson con un nivel de significancia de 0.95. El resultado de esta prueba, evidenció que no existe correlación entre la TSM y el ICC para la mayoría de las loberas, (valor $p > 0.05$); sin embargo, la lobera Rasito mostró una correlación significativa positiva ($p = 0.513$, $p \text{ val} < 0.001$) (Tabla 4).

Tabla 4. Valores de correlación de Pearson (ρ) y valor P para ICC y TSM de las loberas de la RGI, durante la temporada de verano.

Lobera	Valor ρ	Valor p
Cantiles	-0.14	0.41
Coloradito	-0.11	0.11
Granito	-0.11	0.53
Machos	0.106	0.58
Partido	0.11	0.54
Rasito	0.51	2.00E-05

3.4 Biodiversidad el microbiota anal de crías de lobo marino de California en la RGI

Se detectaron un total de 384 ASV's (Raw-Data), de estas fueron asignadas 322 ASV (83.85%), 51 ASV (13.27%) fueron categorizadas como secuencias "nogenasig", y 11 ASV (2.88%) como secuencias no

conocidas (“uncultured”) (Tabla 14); como se describió en el capítulo de metodología, estas secuencias fueron agrupadas por frecuencia de taxón detectado para cada lobera y posteriormente se estableció la relación de taxones con abundancia relativa (Abd) igual o mayor al 90%. En este apartado se muestran los resultados obtenidos solo para los taxones con una abundancia relativa mayor al 10% del total. Con esto en consideración, se detectó la presencia de 5 *phyla* que en conjunto agrupan el 90% de diversidad: Proteobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Fusobacteria, Epsilonbacteraeota (Tabla 5, Fig. 10), el resto de *phyla* asociados a las muestras analizadas se muestran en la Tabla 16.

Tabla 5. *Phyla* detectados en mucosa anal de crías de lobo marino de California en el año 2019 (proporción).

<i>Phylum</i>	Proteobacteria	Bacteroidetes	Firmicutes	Fusobacteria	Epsilonbacteraeota	Phy <0.10
Cantiles	0.586	0.215	0.143	0.028	0.01503654	0.01152333
Coloradito	0.823	0.122	0.022	0.019	0.01086803	0.00127029
Granito	0.6745	0.258	0.031	0.022	0.00934776	0.0035142
Machos	0.683	0.184	0.052	0.066	0.0029511	0.0103991
Partido	0.6578	0.142	0.130	0.030	0.00997752	0.02768409
Rasito	0.547	0.228	0.100	0.101	0.01259675	0.00956139

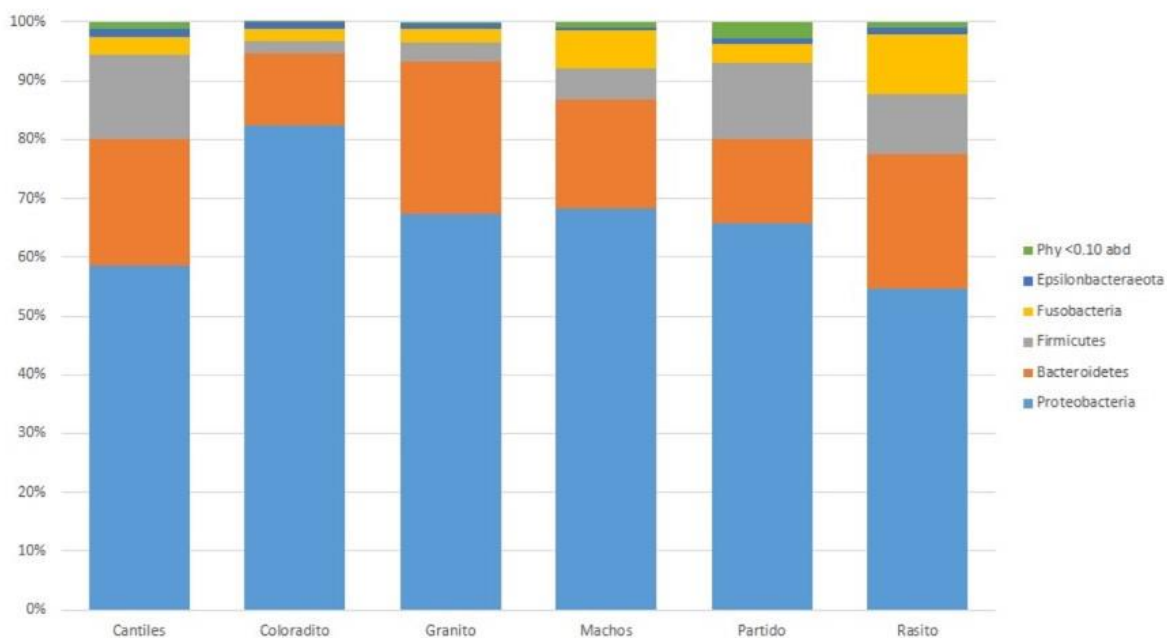


Figura 10. Abundancias relativas por *phyla* bacterianos encontrados en mucosa anal de crías del lobo marino de California de la RGI.

Los resultados de abundancia para los *phyla* entre loberas mostraron que es Coloradito donde se verificó la mayor abundancia del *phylum* Proteobacteria, y la lobera con la menor abundancia de este *phylum* fue la lobera Rasito.

El análisis a nivel de familia evidenció que en la mayoría de las loberas, la familia Enterobacteriaceae es la que mostró mayor abundancia relativa; sin embargo, para la lobera Granito esta familia no se comportó de la misma forma; en esta lobera se observó una distribución de la abundancia aparentemente similar entre las familias Pasteurellaceae y Weeksellaceae, además de esto resalta que en esta lobera, la abundancia de la familia Bacteroidaceae es la menor en comparación con el resto de las loberas, comportamiento que se observó también en la lobera Coloradito, para esta misma familia (Fig. 11).

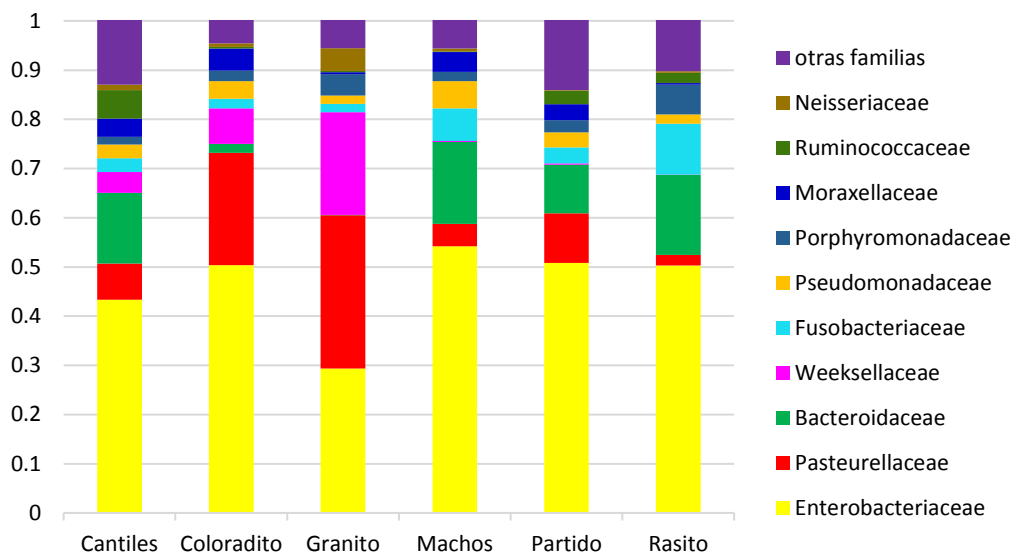


Figura 11. Abundancias relativas para familias bacterianas encontradas en mucosa anal de crías de lobo marino de California de la RGI.

El análisis de asignación taxonómica a nivel de género, mostró la presencia de 73 géneros (Tabla 16), de los cuáles, *Escherichia-Shigella*, *Otariodibacter* sp., *Bacteroides* sp., *Ornithobacterium* sp., *Fusobacterium* sp., *Pseudomonas* sp., *Porphyromonas* sp., *Psychrobacter* sp., y *Neisseria* sp., agruparon más del 90 % de abundancia relativa (Tabla 6; Fig. 12).

El grupo *Escherichia-Shigella* es el de mayor abundancia en la mayoría de las loberas, sin embargo, aparentemente en la lobera Granito, existe una distribución de abundancia similar entre este género *Otariodibacter* sp., y *Ornithobacterium* sp.; *Bacteroides* sp., presentó la menor abundancia en esta lobera,

al igual que en la lobera Coloradito, en contraste con el resto de las loberas. El género *Otariodibacter* sp., mostró la menor abundancia en la lobera de Rasito, y su máximo de abundancia se observó en Granito; la mayor abundancia para *Ornithobacterium* sp., se registró en la lobera Granito, resalta el hecho de que para este género, su abundancia relativa se aproximó fuertemente a cero en las loberas Machos, Partido y Rasito, de igual manera en esta última lobera se observó la mínima abundancia para este género (Fig. 12).

El género *Fusobacterium*, observó el máximo de abundancia en la lobera Rasito y el mínimo en la lobera Granito (Tabla 6, Fig.12). Los demás géneros mostrados en la Figura 12, fueron registrados con un máximo del 5% de abundancia individual, sin embargo cabe resaltar el hecho del género *Pseudomonas* sp., obtuvo su máximo de abundancia en la lobera Machos. Con respecto al grupo “otros géneros”, el cuál agrupa a todos los demás géneros detectados en las muestras de lobos marinos, pero cuya abundancia relativa estuvo por debajo del 10%, la lobera Rasito fue donde se observó la mayor abundancia relativa de este grupo (14.5%, Tabla 6, Fig. 12).

Tabla 6. Abundancias relativas para los géneros bacterianos detectados en mucosa anal de crías de lobo marino de California.

Loberas	<i>Escherichia-Shigella</i>	<i>Otariodibacter</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>Ornithobacterium</i>	<i>Fusobacterium</i>	<i>nogenasig</i>	<i>Pseudomonas</i>	<i>Porphyromonas</i>	<i>Psychrobacter</i>	<i>Eubacterium</i>	<i>Neisseria</i>	Otros géneros
Cantiles	0.422	0.069	0.142	0.042	0.027	0.039	0.028	0.015	0.036	0.057	0.011	0.112
Coloradito	0.490	0.220	0.018	0.071	0.019	0.035	0.035	0.021	0.044	0.003	0.007	0.037
Granito	0.286	0.277	0.001	0.205	0.016	0.056	0.017	0.042	0.004	0.003	0.045	0.050
Machos	0.523	0.044	0.162	0.002	0.065	0.036	0.054	0.018	0.039	0.002	0.005	0.049
Partido	0.481	0.096	0.095	0.003	0.031	0.037	0.030	0.024	0.032	0.026	0.001	0.145
Rasito	0.480	0.022	0.158	0.001	0.102	0.039	0.018	0.059	0.003	0.020	0.004	0.094

Se estudió la agrupación espacial de las loberas con base en la diversidad microbiana detectada de la mucosa anal de las crías de la especie objetivo para el periodo analizado. El resultado del Análisis de Componentes Principales (ACP), mostró la existencia de 3 factores ortogonales, considerando como valor de correlación mínimo del 70% y varianza acumulada del 93.0 %, como se muestra en la matriz de carga de la Tabla 7.

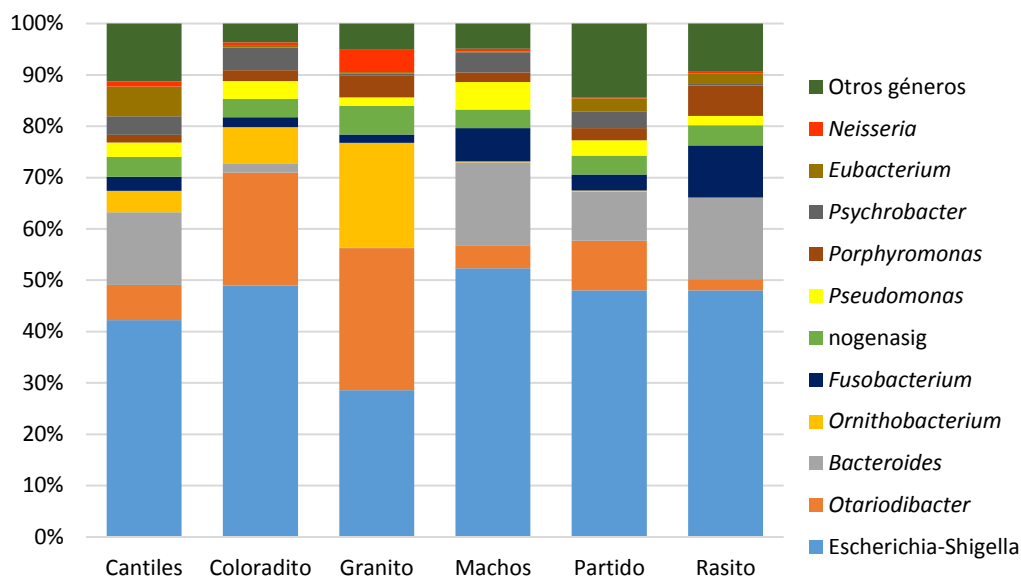


Figura 12. Abundancias relativas para géneros bacterianos encontradas en mucosa anal de crías de lobo marino de California de la RGI.

En la Figura 13 se muestra la gráfica correspondiente al ACP de los dos primeros factores que en sí mismos explican el 81.0%; el tercer factor no fue graficado dado que la varianza explicada por este factor es menor al 20%. Las ecuaciones para cada factor se muestran en las ecuaciones 3 a 5.

Con base en la abundancia de géneros bacterianos, el ACP, mostró que Cantiles y Partido forman un grupo extremadamente cercano, dentro del mismo cuadrante se agrupan las loberas Coloradito y Machos; las loberas Rasito y Granito, no forman ningún grupo entre ellas mismas o con el resto de las loberas, y su comportamiento está definido por la parte positiva del Factor 1 (Granito) y el Factor 2 (Rasito).

El análisis de similitud en diversidad bacteriana mediante la prueba T-Hutcheson, mostró que solo las loberas Coloradito y Machos no presentan diferencias (p val=0.11), en la Tabla 8 se muestra el valor p para la T-Hutcheson por debajo de la diagonal principal, el índice de Shannon se observa por arriba de esta diagonal.

$$F_1 = 0.93(S1) + 0.083(S2) - 0.79(S3) + 0.96(S4) + 0.94(S6) + 0.94(S11) \quad (3)$$

$$F_2 = 0.78(S5) + 0.83(S8) - 0.79(S9) \quad (4)$$

$$F_3 = 0.95(S10) \quad (5)$$

Tabla 7. Matriz de carga del ACP, para los géneros bacterianos (abd>80%), en crías de lobo marino de la RGI.

Clave	Especie	Factor 1	Factor 2	Factor 3
S1	<i>Escherichia-Shigella</i>	-0.93	-0.19	-0.26
S2	<i>Otariodibacter</i>	0.83	-0.48	-0.16
S3	<i>Bacteroides</i>	-0.79	0.42	0.18
S4	<i>Ornithobacterium</i>	0.96	-0.2	0.01
S5	<i>Fusobacterium</i>	-0.49	0.78	-0.32
S6	No-Asignado	0.93	0.04	0.06
S7	<i>Pseudomonas</i>	-0.63	-0.54	-0.36
S8	<i>Porphyromonas</i>	0.44	0.83	-0.26
S9	<i>Psycrhorbacter</i>	-0.59	-0.79	0.06
S10	<i>Eubacterium</i>	-0.28	0.11	0.95
S11	<i>Neisseria</i>	0.94	0.04	0.01
	Var. Expl	6.18	2.76	1.35
	Prop. Total	0.56	0.25	0.12

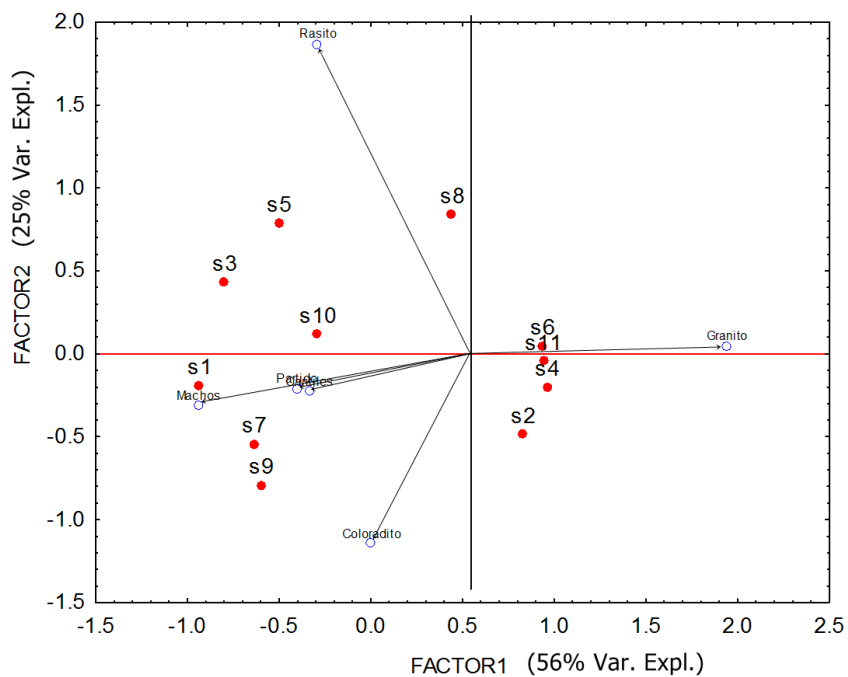


Figura 13. Gráfica ACP para géneros bacterianos (Abd>80%) de crías de lobo marino de la RGI.

Tabla 8. Matriz de valores obtenidos para el Índice de Shannon (H) entre loberas, sección derecha a la diagonal principal, y valor p para T-Hutcheson, sección izquierda de la diagonal principal.

	CAN	COL	GRA	MAC	PAR	RAS
CAN		29.04	21	27.45	7.51	16.86
COL	<0.001		10.72	1.19	20.88	11.03
GRA	<0.001	<0.001		9.23	12.33	1.8
MAC	<0.001	0.11	<0.001		19.44	9.74
PAR	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001		9.28
RAS	<0.001	<0.001	0.03	<0.001	<0.001	

3.5 Análisis funcional predictivo de la microbiota anal de crías de lobo marino de California en la RGI

Aplicando los criterios de selección para las ASV's obtenidas del proceso de secuenciación para la microbiota anal de crías de *Z. californianus* en el año 2018, se obtuvieron un total de 795 asignaciones de rutas metabólicas para las regiones hipervariables (HR) V2, V3, V4, V6-7, V8 Y V9 del gen 16S DNA (Tabla 17), para cada pool creado como se describe en la sección de metodología. Estas rutas metabólicas asignadas para cada HR y por pool por lobera se agruparon con base en su frecuencia y se obtuvo un total de 11 rutas metabólicas diferentes, las cuales se muestran como frecuencia relativa (Tabla 9). El comportamiento por lobera, mostró que en casi en la totalidad de las loberas, la ruta de metabolismo de cofactores y vitaminas fue la que mostró la máxima frecuencia relativa, sin embargo, los resultados mostraron que la lobera Partido, no observó congruencia; en esta lobera la ruta metabólica con mayor frecuencia relativa fue, "metabolismo de carbohidratos" (Tabla 9) y la ruta "metabolismo de cofactores y vitaminas" fue ponderado en segundo lugar; el orden de frecuencias relativas para las demás rutas fue el mismo entre todas las loberas (Tabla 9). En términos generales las loberas se comportan de forma similar con referente al potencial metabólico predicho mediante las herramientas bioinformáticas empleadas (Fig. 13). El resultado de la prueba ANOVA-Bayesiano, corroboró que no existe evidencia para soportar la hipótesis de que existan diferencias entre las loberas con respecto a las rutas metabólicas predichas ($BF_{10}=0.052$).

Tabla 9. Frecuencias relativas de rutas metabólicas para la microbiota anal de crías de lobo marino de California en la RGI.

Ruta Metabólica	Cantiles	Coloradito	Granito	Machos	Partido	Rasito
Metabolismo de aminoácidos	0.16	0.16	0.16	0.16	0.16	0.16
Biosíntesis de metabolitos secundarios	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02
Metabolismo de carbohidratos	0.18	0.18	0.17	0.18	0.18	0.18
Metabolismo energético	0.07	0.07	0.07	0.07	0.06	0.07
Biosíntesis y metabolismo de glicanos	0.05	0.05	0.05	0.05	0.05	0.05
Metabolismo de lípidos	0.08	0.08	0.08	0.08	0.08	0.08
Metabolismo de cofactores y vitaminas	0.18	0.19	0.19	0.18	0.18	0.18
Metabolismo de otros aminoácidos	0.10	0.09	0.10	0.10	0.10	0.10
Metabolismo de terpenoides y policétidos	0.11	0.10	0.11	0.11	0.11	0.11
Metabolismo de nucleótidos	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03
Metabolismo y degradación de xenobióticos	0.04	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03

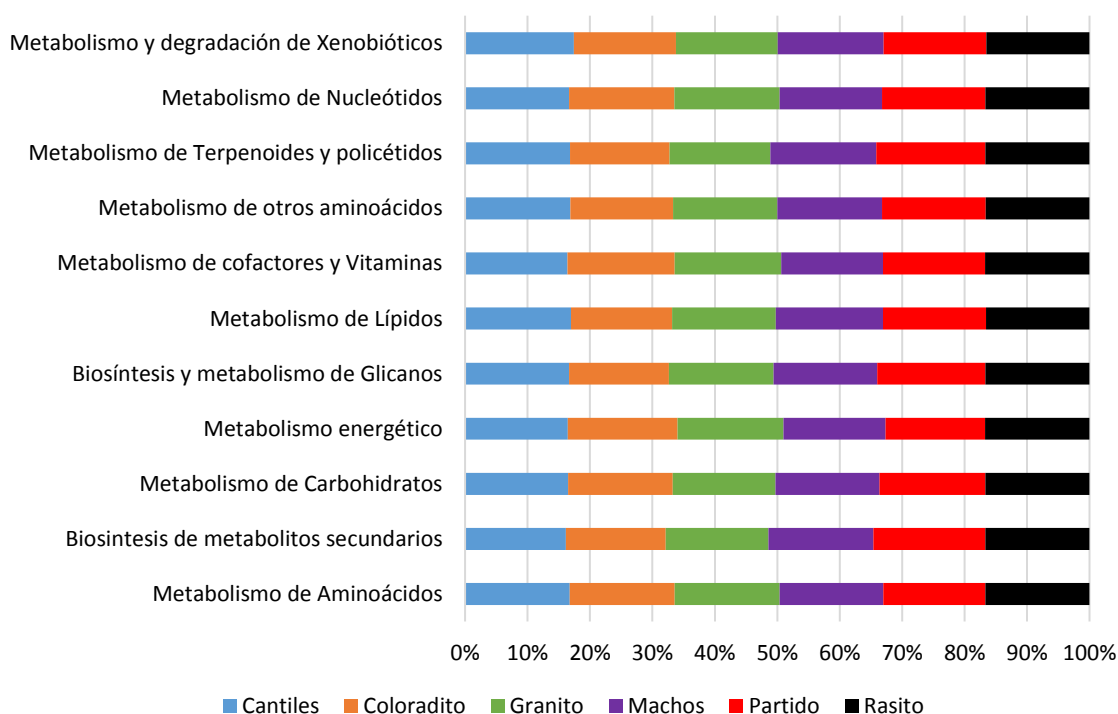


Figura 14. Frecuencias relativas para las rutas metabólicas asociadas a la microbiota anal de crías de lobo marinos de California en la RGI.

3.6 Detección de bacterias patógenas en la microbiota anal de crías de lobo marino de California en la RGI

El resultado de la asignación de ASV's secuenciadas de las muestras de microbiota anal por HR, se muestra en la Tabla 18. Estas frecuencias se agruparon, de la misma forma que para los análisis relacionados a diversidad bacteriana anteriores. Una vez agrupadas las secuencias, se obtuvieron un total de 215,618 secuencias relacionadas a patógenos para todas las loberas, de los cuales el 12.0% se asignaron a la categoría "no concordancia entre asignadores" (NC), 38.0% como "no patógenos" (NP) y 50.0% como "patógenos" (P) (Tabla 10), acorde a lo descrito en la sección de metodología.

Tabla 10: Cantidad de ASV's de bacterias patógenas por lobera y proporción total. Donde: "no concordancia entre asignadores" (NC), "no patógenos" (NP) y "patógenos" (P)

Categoría	Cantiles	Coloradito	Granito	Machos	Partido	Rasito	Suma	Porcentaje
NC	3622	5575	5721	3518	5739	2735	26910	12 %
NP	7989	15376	25713	8397	12472	11491	81438	38 %
P	11488	19769	12013	16809	22136	25055	107270	50 %

La proporción de estas categorías por lobera, mostró que la lobera Rasito fue en donde se observó la mayor proporción de secuencias asignadas como patógenas, y el lado contrario, la lobera Granito fue en donde se observó la menor proporción de esta categoría (Tabla 10, Fig. 14).

Con base a los resultados anteriores (Tabla 11), se particularizó en el comportamiento de la frecuencia de ASV's categorizadas como patógenas, se categorizaron en este contexto un total de 107,270 ASV's para todas las loberas, y se obtuvo su proporción para cada lobera. Se agruparon las secuencias P cuya frecuencia mínima fuera igual o mayor al 1.0% y las demás secuencias P con un valor menor a este límite fueron nombradas como "Otras especies" (Tabla 11; Fig. 15). De esta particularización se observó que solo las especies bacterianas *S. enterica*, *S. dysenteriae*, *E. fergusonii*, *A. haemolyticum* y *B. fragilis* (categorizadas como patógenas por BRTA-466), mostraron una frecuencia igual o mayor al 1.0%. En cuanto a la presencia detectada para *S. enterica*, la mayor proporción relativa fue observada en la lobera Coloradito (28%), mientras que Cantiles y Machos mostraron las frecuencias más bajas (15% y 16%, respectivamente); *S. dysenteriae* fue la más abundante en la lobera Machos (19%) y su mínimo fue encontrado en la lobera Cantiles; *E. fergusonii*, mostró su máximo de frecuencia de detección en la lobera Coloradito (14%) y el mínimo en Granito (1.0%); el máximo de frecuencia para *A. haemolyticum*, se detectó

en la lobera Cantiles (14%), y el mínimo fue observado en la lobera Coloradito (3.0%), y por último, la especie *B. fragilis* mostró el máximo de abundancia en la lobera Cantiles (14%) y su mínimo fue detectado en la lobera Coloradito (3.0%); de este análisis se observa que en la lobera Granito, es donde las especies patógenas agrupadas como “otras especies”, mostraron una mayor representatividad relativa entre loberas (70.0%) (Fig. 15).

La Tabla 12, muestra un resumen de todas las especies bacterianas categorizadas como patógenas de las ASV's secuencias de muestras de microbiota anal de crías de lobo marino de la RGI, independientemente de algún valor mínimo de frecuencia. Con base en este listado se detectó mediante herramientas bioinformáticas, la presencia de *Bacillus anthracis* y este se detectó en la lobera Coloradito con baja frecuencia de detección (0.17%), también se resalta la detección de *Neisseria meningitidis* (0.13%).

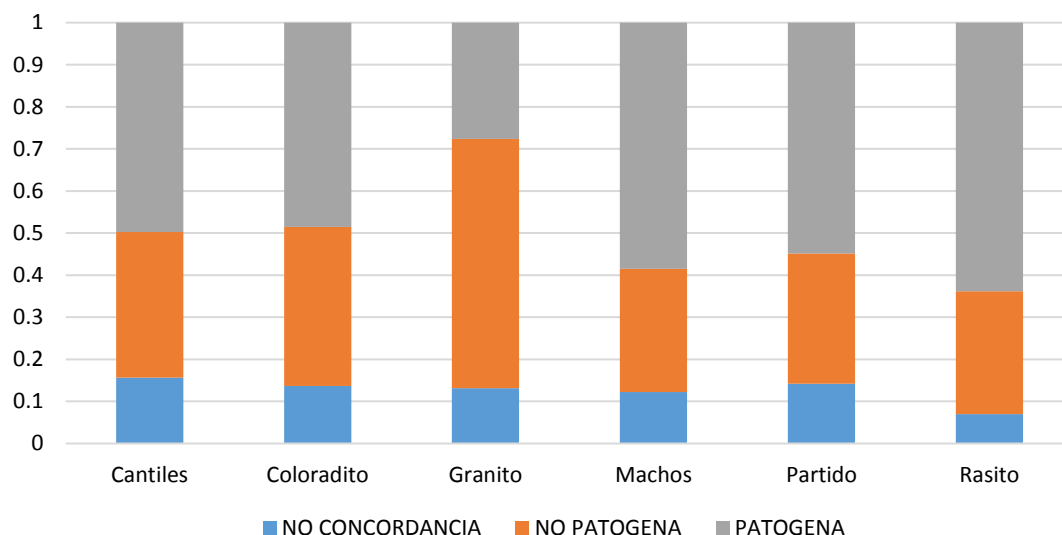


Figura 15. Proporción de secuencias en muestras de microbiota anal de crías de lobo marino de California de la RGI.

Tabla 11. Frecuencias relativas de Bacterias Patógenas (P), por lobera de la RGI.

Especie	Categoría	Cantiles	Coloradito	Granito	Machos	Partido	Rasito
<i>Salmonella enterica</i>	P	0.15	0.28	0.22	0.16	0.22	0.21
<i>Shigella dysenteriae</i>	P	0.12	0.17	0.02	0.19	0.14	0.13
<i>Escherichia fergusonii</i>	P	0.11	0.14	0.01	0.09	0.10	0.11
<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	P	0.14	0.03	0.02	0.13	0.10	0.12
<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0.14	0.03	0.02	0.13	0.10	0.12
Otras especies	p	0.34	0.35	0.70	0.30	0.34	0.31

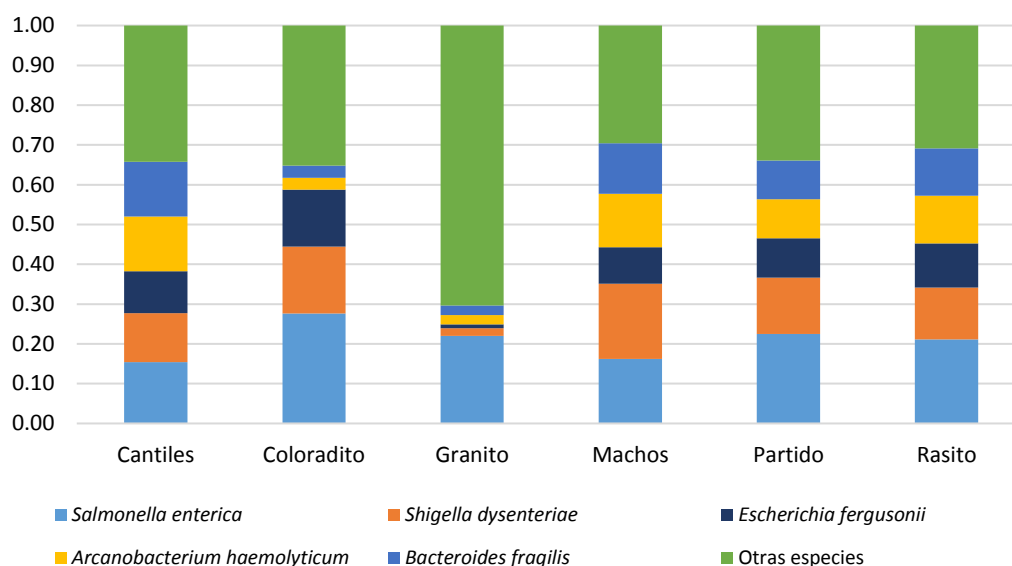


Figura 16. Proporción de bacterias patógenas por loba de la RGI.

Tabla 12. Listado de bacterias categorizadas como patógenas según TRBA-466, para todas las lobaras de la RGI.

Especie bacteriana	Proporción	Especie bacteriana	Proporción
<i>Salmonella enterica</i>	0.2133	<i>Moraxella osloensis</i>	0.0043
<i>Shigella dysenteriae</i>	0.1355	<i>Sutterella stercoricanis</i>	0.0036
<i>Escherichia fergusonii</i>	0.0995	<i>Clostridium fallax</i>	0.0035
<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	0.0920	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	0.0034
<i>Bacteroides fragilis</i>	0.0910	<i>Streptococcus gallolyticus</i>	0.0021
<i>Escherichia coli</i>	0.0559	<i>Campylobacter fetus</i>	0.0019
<i>Arcanobacterium pyogenes</i>	0.0420	<i>Anaerobiospirillum succiniciproducens</i>	0.0017
<i>Fusobacterium varium</i>	0.0403	<i>Bacillus anthracis</i>	0.0017
<i>Porphyromonas levii</i>	0.0356	<i>Neisseria meningitidis</i>	0.0013
<i>Bacteroides tectus</i>	0.0309	<i>Streptococcus equinus</i>	0.0013
<i>Bergeyella zoohelcum</i>	0.0212	<i>Helicobacter muridarum</i>	0.0011
<i>Escherichia albertii</i>	0.0178	<i>Mycoplasma felis</i>	0.0011
<i>Psychrobacter osloensis</i>	0.0151	<i>Campylobacter concisus</i>	0.0008
<i>Alistipes putredinis</i>	0.0114	<i>Enterobacter cloacae</i>	0.0006
<i>Helicobacter cinaedi</i>	0.0090	<i>Streptococcus porcinus</i>	0.0006
<i>Actinobacillus suis</i>	0.0088	<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	0.0006
<i>Campylobacter rectus</i>	0.0086	<i>Parvimonas micra</i>	0.0004
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	0.0080	<i>Campylobacter insulaenigrae</i>	0.0002
<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	0.0066	<i>Actinobacillus equuli</i>	0.0002
<i>Streptococcus intermedius</i>	0.0061	<i>Campylobacter lari</i>	0.0002
<i>Capnocytophaga cynodegmi</i>	0.0057	<i>Klebsiella oxytoca</i>	0.0002
<i>Streptococcus equi</i>	0.0049	<i>Campylobacter jejuni</i>	0.0001
<i>Campylobacter upsaliensis</i>	0.0049	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	0.0001
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	0.0049	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	0.0001

Capítulo 4. Discusión

Como ya se ha mencionado, se ha aceptado de forma general que la tendencia de la abundancia del lobo marino de California en el golfo de California, es negativa (“a la baja”) (Adame *et al.*, 2020; Szteren Jezierski, 2006), pero es prudente señalar que en algunos estudios esta tendencia refleja la totalidad de lobos marinos en el GC, como es el estudio de Adame *et al.*, (2020). Esta tendencia refleja el comportamiento para todo el golfo de California (GC). En esta tesis, el análisis del comportamiento de la abundancia de lobos marinos de California, se centró en 6 loberas inmersas en la zona oeste de la Región de las Grandes Islas (RGI) y que están dentro del polígono del Área de Protección de Flora y Fauna “Islas del golfo de California”, en Baja California (CONANP, 2000) (Fig. 1), y que se han descrito en el apartado de metodología (Fig. 1). Los resultados encontrados en este estudio, mostraron que las tendencias tanto por estadio ontogénico (MA, MS, H, J, C) y por loberas (Fig. 2) son heterogéneas a través del tiempo. En este estudio la lobera Coloradito observó la mayor abundancia para los estadios ontogénicos C, H, J y MA, esto podría atribuirse al área de la lobera, la cual abarca toda la circunferencia de la isla (Obs. pers.); y como algunos autores han demostrado, el área útil de una lobera es un factor que condiciona el número de individuos en la misma (González Suárez & Gerber, 2008); esto es evidente para la lobera del Rasito que presenta la menor abundancia de lobos marinos en todo el periodo analizado (Tabla 1; Fig 2.).

Este comportamiento heterogéneo en abundancia de *Z. californianus* entre loberas podría ser explicado por la presión antropogénica y competencia por recursos alimentarios. Sin embargo, esto no explica, porque aún loberas tan cercanas, como la del Rasito y la del Partido, que solo están separadas por aproximadamente 9 km (línea recta), y son las loberas que presentaron la menor cantidad de individuos para todos los estadios ontogénicos. Es importante señalar que las características orográficas de ambas es que son islotes rocosos sin playa, lo que implica un ambiente menos cómodo al que habitan estos individuos, siendo lo más común el uso de playas arenosas o cantos rodados, como las de Granito, Coloradito (Aurioles Gamboa & Zavala González, 1994), o incluso loberas de la costa este de Baja California Sur, como Magdalena, lo que permitiría inferir que las características de la lobera, efectivamente condicionan la cantidad de individuos.

Por otro lado, la tendencia general de la población de lobos marinos de California en la RGI, es hacia la baja para todos los estadios ontogénicos, aunque no en todas las loberas se observó el mismo grado de tendencia negativa (Fig. 3-7), resalta el hecho de que en el caso de Crías, en todas las loberas se observó esta tendencia, pero en la lobera Coloradito, la pendiente negativa es de mayor magnitud para Crías,

Hembras, Juveniles y Machos subadultos comparado con Juveniles y Machos adultos. Esta lobera mostró también una tendencia a la baja relativamente pronunciada con respecto al ICC de Crías; este comportamiento por sí mismo podría reflejar el impacto antropogénico debido a que esta lobera está inmersa en una zona de alta actividad pesquera con redes de enmalle y es relativamente cercana a la costa (obs. pers.). Ahora bien, aunado a estos indicadores, en esta lobera también se observó la mayor abundancia relativa del *phylum* Proteobacteria (Fig.9), este *phylum* agrupa especies bacterianas de interés zoonótico tales como representantes de la familia Enterobacteriaceae, Vibrionaceae y Pseudomonaceae (Madigan *et al.*, 2015), las cuáles podrían ser un factor negativo a la salud de la comunidad de *Z. californianus* en esa lobera, o incluso la gran proporción de las bacterias del *phylum* referido sea consecuencia de precisamente una alta presencia antropogénica.

Esta idea podría ser un indicio para explicar la tendencia a la baja para la abundancia de crías de las demás loberas, (Fig. 3), en las cuáles también la abundancia del *phylum* Proteobacteria fue la más abundante. Sin embargo, cuando se analiza a nivel de familia bacteriana, se observa que existen diferencias en la proporción relativa para cada lobera en este nivel taxonómico (Fig. 10), a diferencia de Coloradito, la lobera Granito mostró la menor abundancia para la familia Enterobacteriaceae, pero fue la lobera donde se observó la mayor abundancia en la familia Pasteurellaceae, que engloba aproximadamente 20 especies patógenas para animales incluyendo mamíferos marinos, en los cuales se ha asociado a la microbiota oral normal pero puede causar septicemia e infección sistémica (Aktories *et al.*, 2012; Foster *et al.*, 2011; Hansen *et al.*, 2017; Wilson & Ho, 2013), lo que podría ser un factor de presión a la salud de crías y de la población en general.

Sin embargo y en relación con la hipótesis propuesta en líneas anteriores, la sola abundancia de especies bacterianas patógenas o zoonóticas no explica en su totalidad el comportamiento de la tendencia en abundancia de lobos marinos en las loberas de la RGI; como argumento de lo anterior, considérese a las loberas Cantiles, Machos, y Rasito (Fig. 8) que mostraron una tendencia negativa en la cantidad de crías; también tuvieron una abundancia relativamente baja para la familia Pasteurellaceae, entonces, la idea propuesta de que la abundancia de especies patógenas por sí misma, no es el único factor que pudiera explicar en su totalidad dicha tendencia de la abundancia de crías en la RGI.

Además de conocer la tendencia en abundancia de los estadios ontogénicos del lobo marino de California en la RGI, se evaluó el desarrollo de las crías, usando la aproximación ICC (Trites & Jonker, 2000), este índice mostró un comportamiento estable para el periodo analizado en la mayoría de las loberas, a excepción de la lobera Coloradito, en donde la tendencia muestra una pendiente negativa pronunciada

(Fig. 8). Si consideramos que este índice relaciona la masa corporal en relación al crecimiento sagital del individuo, entonces es factible considerar que los individuos de las loberas Cantiles, Granito, Machos, Partido y Rasito muestran un desarrollo coherente para el periodo estudiado y que es acorde al esperado teórico, pues los valores del ICC para cada lobera y año son cercanos a la unidad, *i. e.*, $ICC \approx 1$ (Trites & Jonker, 2000); entonces es posible considerar que para las loberas con tendencia de ICC estable, el desarrollo de las crías es correcto durante el periodo estudiado, y que la tendencia a la baja en la abundancia de este estadio no es directamente atribuible a problemas de desarrollo.

Sin embargo esto no ocurre en la lobera Coloradito; en esta lobera, y con base a la tendencia de ICC observada (Fig. 8b), y considerando lo descrito en el párrafo anterior, sería posible aceptar que existe un problema de desarrollo en etapas tempranas de los individuos de esta lobera, además en esta misma lobera, se observó una fuerte tendencia a la baja en la abundancia de crías, es decir han nacido menos en años recientes (Fig. 3). Aunado a esto, y considerando que en esta tesis se encontró que precisamente la lobera Coloradito, mostró la mayor abundancia de los *phylum* Proteobacteria, que incluye varios géneros patógenos y que además en esta lobera los *phyla* Firmicutes y Bacteroides mostraron baja abundancia en comparación con las demás loberas, entonces, es posible considerar que, efectivamente, el mosaico bacteriano pudo influir en el desarrollo de los individuos.

En este trabajo también se buscó probar si la similitud entre diversidad de especies bacterianas entre loberas, podría aportar algún indicio de información que explicara el comportamiento encontrado para la tendencia en abundancia de estadios ontogénicos de la especie en estudio o la tendencia del ICC. Con respecto a la similitud en diversidad de Shannon, los resultados indicaron que la mayoría de las loberas presentan diferencias significativas (Tabla 4); el único par de loberas que resultaron estadísticamente iguales para este índice fueron las loberas Coloradito y Machos. Este comportamiento de similitud microbiana, podría indicar que las condiciones oceanográficas, aún en escala pequeña pudieron ser un factor importante en la definición de la microbiota. Es importante considerar que la microbiota analizada es de crías de lobo marino lactantes, es decir esta estará condicionada por la calidad de la leche materna, la cual estará a su vez definida por el tipo y variedad de presas de las que se alimenten las madres. Por lo tanto, se hipotetiza que si estas loberas presentan un comportamiento estadísticamente igual en diversidad de la microbiota de crías, las cuales fueron alimentadas con leche de características nutricionales y químicas similares. Esto pudo ser debido a que las madres de ambas loberas tuvieron un aporte nutricional similar. Lo anterior cobra sentido cuando se considera que, a pesar de que están separadas por casi 100 km de distancia, entre estas loberas no se encuentra ninguna barrera insular entre ellas y la masa de agua del canal de Ballenas no tendría ningún cambio entre ambas. Esto favorecería que

las especies presa (pelágicos menores) existiesen en las proximidades de ambas regiones relativamente al mismo tiempo y que por lo tanto esta característica oceanográfica, pueda ser un factor determinante en el tipo y calidad de presas alimenticias para esta fauna.

En relación a lo anterior, es necesario comentar que, aún y cuando Pelayo *et al.* (2020), describe que las áreas de alimentación de lobos marinos de California en la RGI se superponen, el área de intersección entre estas las loberas de Cantiles y Machos es relativamente menor en comparación con las demás loberas, las cuáles no presentaron igualdad estadística en cuanto a diversidad bacteriana. Este contraste refuerza la idea de que efectivamente las condiciones oceanológicas específicas para cada lobera es un factor que condiciona dicha diversidad.

A pesar de la diferencia estadística altamente significativa en la mayoría de las loberas en cuanto a su diversidad bacteriana (Tabla 8), estas mostraron un patrón en cuanto a la cantidad de especies bacterianas detectadas en las muestras anales de crías de *Z. californianus* (Fig. 12), y de nuevo son las que están influenciadas por agua del canal de Ballenas, con excepción de Partido, la cual está inmersa en aguas del canal de Salsipuedes. Es necesario puntualizar que al menos en la revisión bibliográfica hecha al momento de redacción de esta tesis, el autor no encontró referencias bibliográficas que mostraran las características de estas masas de agua a un nivel tan particular. En este mismo sentido, se esperaría de forma empírica, que las loberas Rasito y Partido, que son altamente proximales entre sí, hubiesen observado un comportamiento agregativo, evento que no se presentó (Fig. 12); todo esto permite “hipotetizar” que posiblemente existan diferencias en los hábitos biológicos entre los lobos marinos de estas loberas. Por otro lado, la segregación de la lobera Granito, se puede explicar porque dicha lobera se encuentra en el extremo septentrional de la isla Ángel de la Guarda, aproximadamente 99 km de distancia en línea recta, y está influenciada por condiciones oceanográficas diferentes a las que se pueden observar en el canal de Salsipuedes (*e. g.* Canal de Ballenas).

Entonces, de este análisis se desprende la hipótesis de que la sola presencia de agentes zoonóticos no explica por sí mismo la tendencia negativa tanto en cantidad de individuos por lobera como la tendencia negativa de ICC; esta tendencia tampoco fue explicable por efecto de variaciones en la TSM, como lo muestra la no correlación entre este índice y la TSM para la mayoría de las loberas (Tabla 4).

Resalta el hecho de que para la lobera de Rasito se encontró que la correlación entre el ICC y TSM es estadísticamente significativa y positiva ($\rho = 0.51$, $p > 0.05^{***}$) (Tabla 4). Sin embargo, este efecto no se observa entre las demás loberas para las cuales no existe una correlación de Pearson (ρ) significativa (Tabla

4). Esta particularidad en cuanto a la correlación de Pearson, podría ser debido a que el periodo de análisis es corto en términos de series temporales. En este mismo contexto, la falta de significancia de p entre las loberas, podría ser un indicativo de que existen más factores que afectan al ICC, entre ellos la influencia de las masas de agua oceánica proximales a cada lobera o región del GC, *i. e.* la lobera Rasito es proximal al límite sur de la región central del GC (Brusca *et al.*, 2005), y es la más cercana a la isla Salsipuedes, lo que podría originar variaciones discretas en las condiciones oceanológicas y consecuentemente en el micro ambiente circundante a ella. Además la presencia de islas pueden ser un factor que provoque condiciones oceánicas diferentes, *e. g.* entre las loberas Partido y Rasito esta la isla Partida, y esto podría ser el factor que de forma parcial explicara las diferencias entre ellas.

La conjetura de que existen variaciones discretas oceanográficas que expliquen este comportamiento diferencial de la correlación entre TSM e ICC, se ve reforzada cuando se considera que el GC presenta un comportamiento diferente en cuanto a productividad primaria para el aumento de TSM, incluso en años donde se ha presentado fenómenos Niño (Santamaria Del Angel *et al.*, 1994; Valdéz Holguín & Lara Lara, 1987), que provocarían diferencias en la trama trófica y disponibilidad de alimento para el lobo marino de California. Además, esto se ve reforzado cuando el análisis de tendencia en abundancia por estadio ontogénico mostró que no todos los estadios observan una tendencia a la baja. Este hecho, podría estar relacionado a perturbaciones ambientales o humanas que hubo en el pasado y de las cuales no se tiene información, al menos al momento de escritura de esta tesis, el autor no encontró publicaciones que relacionara eventos ambientales históricos contemporáneos que pudieran aportar algún indicio de su implicación.

Derivado del análisis a nivel de género bacteriano realizado; es interesante que entre ellos se detectó el género *Otariodibacter* sp. (Tabla 6 y Fig. 12), que es un género aislado específicamente de esta familia, el cuál es un agente microbiano con potencial de morbilidad relativamente alto entre lobos marinos de California (Hansen *et al.*, 2012); es importante resaltar que de nuevo este patógeno presentó la mayor abundancia en las loberas Coloradito y Granito, en contraste con las demás loberas, este es un género que ha sido descubierto recientemente por lo que el ciclo infeccioso no está completamente descrito y por lo tanto no es posible conjeturar alguna explicación al respecto de esta abundancia diferente entre loberas, aún en loberas tan cercanas como Partido y Rasito.

En este mismo contexto de géneros bacterianos hallados en microbiota anal de crías se detectó la presencia del género *Ornithobacterium* spp., que es un agente patógeno para aves tanto silvestres como de corral (Soriano Vargas *et al.*, 2003). Este hallazgo es de interés en el marco de ecología microbiana dado

que es un género asociado a aves, y haberlo detectado en muestras anales de lobo marino de California, podría indicar que la bacteria en cuestión es capaz de sobrevivir en el ambiente insular o pozas de marea de las loberas y que éstas pueden fungir como fómites, de donde las crías se contaminan al arrastrarse por las mismas. Además de esto, se observó que la abundancia de este agente bacteriano presenta diferencias entre loberas (Tabla 6 y Fig.12).

Esto implica interés si se considera que en las loberas no están las mismas especies de aves, *e. g.* la lobera Granito es un sitio de anidación de *Sula nebouxii*, y es en esta lobera donde se observó la mayor abundancia relativa de este género bacteriano, seguido de las loberas Coloradito y en menor grado Cantiles, en las cuáles es posible observa también a esta ave de forma más frecuente. Por el contrario, las loberas donde la abundancia de esta bacteria fue menor (Machos, Partido y Rasito), no se ha observado anidación o percha de esta ave de forma frecuente, pero si hay presencia de otras aves anidantes, como *Phalacrocorax penicillatus*, *Thalasseus elegans*, *Pelecanus occidentalis* o gaviotas, tanto *Laurus heermanii* y *L. livens*, (CONANP, 2006); este hecho contrastante permite hipotetizar que posiblemente esta bacteria tenga afinidad diferencial entre especies de aves.

En lo que respecta a la predicción metabólica, es interesante el hecho detectado de la no diferencia estadística en cuanto a la cantidad de rutas metabólicas detectadas en las ASV secuenciadas de la muestra problema; esto es indicador de redundancia metabólica en la microbiota asociada a la mucosa estudiada, lo que ha sido descrito para la mucosa gastrointestinal en otras especies de mamíferos (Bik *et al.*, 2016; Brassea Pérez *et al.*, 2019; Lavery *et al.*, 2012; Pacheco Sandoval *et al.*, 2019), lo que favorece las condiciones homeostáticas, una necesidad importante para favorecer el desarrollo de la cría (Delpont *et al.*, 2016; Kamada *et al.*, 2013).

El análisis de la presencia de bacterias patógenas zoonóticas en la RGI (patógenas para humanos), arrojó interesantes resultados, como sería de esperar, se registró una alta abundancia de bacterias causantes de infecciones intestinales; *S. entérica*, el cuál es un reconocido agente zoonótico que puede provocar desde un cuadro de infección intestinal hasta sistémica (dependiendo del serovar presente), y que es una bacteria común en muestras fecales de fauna silvestre. El segundo agente zoonótico con mayor abundancia, *S. dysenteriae*, es de importancia en salud pública y veterinaria, este bacilo, provoca un cuadro clínico que incluye náusea, vómito, tenesmo y diarrea que suele ser sanguinolenta, y provoca alta morbilidad. Sin embargo, es necesario puntualizar que al parecer en la población de *Z. californianus* de la RGI, estas especies bacterianas no causan eventos infecciosos o brotes zoonóticos, esto se sustenta en el hecho de, y con base a la experiencia del autor de este escrito, no se observan de forma rutinaria individuos

que presenten cuadros diarreicos, además, el hecho de que los valores de ICC (a excepción de la lobera Coloradito) no son representativos de individuos con problemas de alimentación (Fig 8). Las especies patógenas, *E. fergusonii*, *B. fragilis* y *A. haemolyticum*, presentan abundancias similares, sin embargo es necesario considerar que *E. fergusonii*, puede causar un cuadro clínico septicémico, pero la relevancia de este patógeno es su capacidad antibiótico-resistente, como lo describe Gaastra *et al.*, (2014), este hecho es importante porque la existencia de cepas antibiótico-resistentes es un tema de importancia en salud pública, además de ser un indicador de contaminación antropogénica (Martinez, 2009), y que puede ser usado en la valoración del nivel de impacto al ecosistema por el desarrollo social de la región.

Considerando la presencia de bacterias patógenas en lobos marinos de la RGI, destaca el hecho, de haber sido detectado *B. anthracis* exclusivamente en la lobera Coloradito, se debe puntualizar de que esta detección fue “*in silico*”, sin embargo, y dada la relevancia de esta especie bacteriana en salud pública y veterinaria sería de interés la realización de estudios microbiológicos más profundos. Este agente microbiano es de alto interés en salud pública por su alta patogenicidad al ser humano, al ser el agente causal de la enfermedad ántrax; una enfermedad zoonótica que puede afectar tanto el sistema tegumentario como órganos internos (Li *et al.*, 2020; Madigan *et al.*, 2015); algunos autores han reportado que a nivel mundial, existen entre 20,000 a 100,000 casos al año principalmente en zonas rurales, incluyendo islas como Haití y parte de las Filipinas (Carlson *et al.*, 2019). Este patógeno, es una bacteria Gram-positiva esporulada, cuyas esporas pueden resistir en el suelo por décadas (Li *et al.*, 2020); presenta un ciclo enzootico que resulta de la ingesta de las esporas en el suelo por animales de vida silvestre herbívoros pastoreando, los cuales son los hospederos naturales, estas esporas ingeridas permanece en el tracto digestivo regresando al ambiente mediante las excreciones o a la muerte del animal, y de esta manera el patógeno se mantiene presente en el ecosistema (Carlson *et al.*, 2019); el humano y otros carnívoros se contaminan cuando entran en contacto las esporas en detritos o tejidos de los herbívoros con presencia de esporas, inhalación o por vía tegumentaria por abrasiones en la misma (Goel, 2015; Li *et al.*, 2020). Lo anteriormente descrito sirve como preámbulo para discutir al respecto del hallazgo de secuencias génicas de este patógeno en las muestras analizadas; es decir, se encontró evidencia de estas en muestra fecales de crías de lobo marino de California, un animal que es un mamífero marino carnívoro y que en este estadio ontogénico solo se alimenta de leche materna; entonces la presencia de este agente en estas muestras indica que: a) las esporas del patógeno están presentes en el micro ambiente insular y b) la contaminación de esta fauna con las esporas, las cuales se sabe que pueden permanecer viables en el suelo, y ¿las crías lo ingieren al estar reptando o por vía para-enteral?, y c) Si las crías solo se alimentan de leche, ¿la contaminación gástrica de estas, proviene de la leche materna?, estas son solo preguntas que surgen a partir del hallazgo descrito, pero que abren la posibilidad de investigaciones más profundas en

materia de ecología microbiana, epidemiología y de forma global eco-epidemiología y medicina de conservación, pues sería prudente determinar el papel del lobo marino de california en el ciclo infeccioso de este patógeno; además, en estas área de conocimiento, también es vital conocer los mecanismos por los cuales las esporas han llegado a la isla de Coloradito, en esta isla no hay rumiantes, ni se tiene registro de que haya existido asentamientos humanos estables, por lo que la presencia de las esporas del patógeno posiblemente hayan sido acarreadas por viento o por deyecciones de aves carroñeras. Por otro lado, igualmente interesante es el hecho de que este agente zoonótico fue detectado únicamente en la lobera Coloradito, la lobera más septentrional de la RGI y que además es la lobera donde se observó que existe una tendencia negativa en cuanto el ICC y que además es una lobera más proximal a la costa y que en recientes años está inmersa en un área marina de alta actividad antropogénica (obs. pers.). Además, y en el conocimiento del autor de esta tesis, es la primera vez que se detecta a *B. anthracis*, en esta especie de fauna marina, y en particular en esta lobera.

Los hallazgos de bacterias patógenas, su presencia, abundancia y la no observación de indicadores clínicos evidentes de enfermedad infecciosa gastrointestinal, puede ser explicado, al menos de una forma general, como evidencia de la idea propuesta por Mirko Grmek en 1969 (Bacarlett Pérez, 2004), que de forma resumida, establece que “una enfermedad no existe sino dentro de una idea general de lo mórbido que da a todas sus expresiones concretas un aire de unidad”, es decir, y a manera de corolario propuesto por el autor de este trabajo, el ambiente necesario para el surgimiento de una enfermedad infecciosa, no solo depende de la presencia, o abundancia de hospederos, sino que interviene la relación espacial y temporal de otros patógenos en un ambiente dado, entendiéndose por patogenicidad la capacidad bioquímica de un agente bacteriano para causar enfermedad y virulencia como el grado en el que se expresa la patogenicidad, claro sin adentrarse en los factores propios del hospedero (*e. g.* inmunidad).

Considerando lo anterior, este trabajo evidencia el hecho de que la presencia de agentes infecciosos zoonóticos por si mismos no explican de forma absoluta la tendencia negativa en cuanto abundancia de los estadios ontogénicos crías, que además son un factor lógico para la evaluación de la estabilidad de la población de esta fauna, considerando que cada población es particular en su comportamiento poblacional (Hernández Camacho *et al.*, 2021), pero muestra la relevancia del estudio de esta microbiota como indicadores de salud ecosistémica (Grenfell & Dobson, 1995), además, este trabajo evidenció la presencia de agentes patógenos de interés en salud pública y veterinaria, y que en conjunto podrían ser considerados como indicadores de riesgo a la salud humana y de la propia población de esta fauna silvestre, considerando que alguna perturbación en el mosaico patocenótico podría consecuentemente permitir la emergencia de enfermedades infecciosas.

Capítulo 5. Conclusiones

Con base a los resultados obtenidos y la discusión presentada en esta tesis, se generaron las siguientes conclusiones.

La tendencia en abundancia de crías para las loberas de la RGI (en Baja California), efectivamente presentan una tendencia decreciente, pero no en la misma magnitud, por lo que el riesgo en su estabilidad poblacional, es diferente entre ellas. Además, el comportamiento en las tendencias de abundancia para los demás estadios ontogénicos es diferente entre loberas, lo que sugiere que existen otros factores que podrían afectar en diferente forma.

Con respecto al desarrollo corporal de las crías analizadas en este trabajo, se observó que en general este indicador es homogéneo entre las loberas; solo la lobera Coloradito presentó una tendencia negativa.

Derivado del análisis del efecto de la TSM con respecto al ICC, se demostró que esta variable oceanográfica no tiene un efecto directo para el desarrollo de los individuos, al menos para el periodo analizado.

El análisis de diversidad bacteriana evidenció que existen diferencias entre loberas, tanto en riqueza (índice de Shannon) como en abundancia por familia taxonómica y géneros. Sin embargo la igualdad estadística del índice de Shannon entre las loberas de Machos y Coloradito, así como lo evidenciado mediante el análisis de componente principales, de que hay loberas que pueden ser agrupas como proximales, permite considerar que el ambiente oceanográfico y presencia de cuerpos insulares, pueden ser factores condicionantes para la estructuración de la microbiota para cada lobera.

Las diferencias de abundancia entre los *phyla* y familias bacterianas observadas entre loberas, que incluyen especies patógenas que se detectaron, podrían implicar el efecto patocenótico y la importancia de que se mantenga un estado de balance entre estas especies para mantener el estado homeostático de la mucosa intestinal distal y además, evitar el riesgo de brotes zoonóticos

La relación encontrada entre la microbiota detectada mediante el uso de ASV's y la predicción metabólica funcional evidenció que hay redundancia funcional, lo que favorece la homeostasis de este estadio ontogénico. Además muestra que existe un fuerte predominio en la microbiota hacia la función probiótica, lo que es congruente con otras especies de mamíferos.

Se detectaron secuencias génicas congruentes con agentes de interés en salud pública, lo que implica que estos patógenos pueden estar circulando en el ecosistema, y por lo tanto un evento que favorezca la pérdida del equilibrio patocenótico puede ser un factor de riesgo epizoótico.

La lobera de Coloradito, mostró un comportamiento particular que podría situarla como en riesgo, esto se sustenta en que fue la única lobera que mostró un ICC en decremento, una fuerte tendencia a la baja para todos los estadios ontogénicos, mayor abundancia del *phylum* Proteobacteria el cual incluye varias especies patógenas gastrointestinales, y fue la única lobera donde se detectaron ASV congruentes con *B. anthracis*, además es la lobera más próxima a la costa, y está inmersa en una zona de alta actividad antropogénica relativa.

Este trabajo, al menos en el conocimiento del autor, fue el primero que estudia la microbiota anal de crías de lobo marino en el golfo de California, lo que permitió aportar conocimiento relevante en este tópico de estudio y favorecer el desarrollo de más estudios científicos en este tema y su relación con salud ambiental.

Literatura citada

- Adame, K., Elorriaga-Verplancken, F. R., Beier, E., Acevedo-Whitehouse, K., & Pardo, M. A. (2020). The demographic decline of a sea lion population followed multi-decadal sea surface warming. *Scientific Reports*, 10(1), pp. 1–15. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-67534-0>
- Aktories, K., Orth, J. H. C., & Adler, B. (2012). *Pasteurella multocida: Molecular Biology, Toxins and Infection*. In K. Aktories, J. H. C. Orth, & B. Adler (Eds.), *Current Topics in Microbiology and Immunology*. Springer. Consultado el 20 de diciembre del 2022, de <https://books.google.com/books?id=3XBkpTCiF3QC&pgis=1>
- Anderson, D. W., Godínez Reyes, C. R., Velarde, E., Avalos Tellez, R., Ramírez Delgado, D., Moreno Prado, H., Bowen, T., Gress, F., Trejo-ventura, J., Adrean, L., & Meltzer, L. (2017). Pelicano pardo, *Pelecanus occidentalis californicus* (Aves: Pelecanidae): Cinco décadas con ENOS, anidación dinámica y estatus contemporáneo de reproducción en el Golfo de California. *Ciencias Marinas*, 43(1), pp. 1–34.
- Antonelis, G. A., Fiscus, C. H., & DeLong, R. L. (1984). Spring and summer prey of California sea lions, *Zalophus californianus*, at San Miguel Island, California, 1978-79. *Fishery Bulletin*, 82(1), pp. 67–76.
- Aurioles Gamboa, D., García Rodríguez, F., Ramírez Rodríguez, M., & Hernández Camacho, C. (2003). Interacción entre el lobo marino de California y la pesquería artesanal en la Bahía de La Paz, Golfo de California, México. *Ciencias Marinas*, 29(3), pp. 357-370.
- Aurioles Gamboa, D., Godínez Reyes, C., Hernández Camacho, C., & Santos del Prado Gasca, K. (2010). Taller de análisis del estado de la población de lobo marino de California *Zalophus californianus* en México. Informe técnico. CICIMAR, CONANP, INE, pp. 1-75.
- Aurioles Gamboa, D., & Zavala González, A. (1994). Algunos factores ecológicos que determinan la distribución y abundancia del lobo marino *Zalophus californianus*, en el Golfo de California. *Ciencias Marinas*, 20(4), pp. 535–553. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.7773/cm.v20i4.976>
- Ávalos Téllez, R., Carrillo Casas, E. M., Atilano López, D., Godínez Reyes, C. R., Díaz Aparicio, E., Ramírez Delgado, D., Ramírez Echenique, M. F., Leyva Leyva, M., Suzán, G., & Suárez Güemes, F. (2016). Pathogenic *Leptospira* serovars in free-living sea lions in the Gulf of California and along the Baja California Coast of Mexico. *Journal of Wildlife Diseases*, 52(2), pp. 199–208. <https://doi.org/10.7589/2015-06-133>
- Bacarlett Pérez, M. (2004). Mirko Drazen Grmek y el concepto de patocenosis. El caso de la Grecia antigua. *CIENCIA Ergo-Sum*, 11(3), pp. 284–295.
- Banuet Martínez, M., Aquino, W. E. de, Elorriaga Verplancken, F. R., Flores Morán, A., García, O. P., Camacho, M., & Acevedo Whitehouse, K. (2017). Climatic anomaly affects the immune competence of California sea lions. *PLoS ONE*, 12(6), pp. 1–14. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0179359>
- Baumgartner, T. R., & Christensen, N. (1985). Coupling of the Gulf of California to large-scale interannual climatic variability. *Journal of Marine Research*, 43(4), pp. 825–848. <https://doi.org/10.1357/002224085788453967>

- Benson, A. J., & Trites, A. W. (2002). Ecological effects of regime shifts in the Bering Sea and eastern North Pacific Ocean. *Fish and Fisheries*, 3(2), pp. 95–113. <https://doi.org/10.1046/j.1467-2979.2002.00078.x>
- Bik, E. M., Costello, E. K., Switzer, A. D., Callahan, B. J., Holmes, S. P., Wells, R. S., Carlin, K. P., Jensen, E. D., Venn-Watson, S., & Relman, D. A. (2016). Marine mammals harbor unique microbiotas shaped by and yet distinct from the sea. *Nature Communications*, 7, pp. 1–13. <https://doi.org/10.1038/ncomms10516>
- Brassea Pérez, E. (2016). *Análisis metagenómico de la dieta de la foca de puerto (Phoca vitulina richardii, Gray 1864) en México*. Tesis de Maestría. Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, B. C., 127 pp.
- Brassea Pérez, E., Schramm, Y., Heckel, G., Chong Robles, J., & Lago Lestón, A. (2019). Metabarcoding analysis of the Pacific harbor seal diet in Mexico. *Marine Biology*, 166(8), pp. 1–14. <https://doi.org/10.1007/s00227-019-3555-8>
- Britton, R. A., & Young, V. B. (2014). Role of the Intestinal Microbiota in Resistance to Colonization by *Clostridium difficile*. *Gastroenterology*, 146(6), pp. 1547–1553. <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2014.01.059>
- Browning, H. M., Gulland, F. M. D., Hammond, J. A., Colegrove, K. M., & Hall, A. J. (2015). Common cancer in a wild animal: The California sea lion (*zalophus californianus*) as an emerging model for carcinogenesis. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 370(1673), pp. 1–7. <https://doi.org/10.1098/rstb.2014.0228>
- Brusca, R. C., Findley, L. T., Hastings, P. A., Hendrickx, M. E., Torre Cosio, J., & van Der Heiden, A. M. (2005). Macrofaunal Diversity in the Gulf of California. In J. L. E. Cartron, G. Ceballos, & R. S. Felger (Eds.), *Biodiversity, ecosystems and conservation in Northern Mexico*. Oxford University Press.
- Caicedo, H. H., Hashimoto, D. A., Caicedo, J. C., Pentland, A., & Pisano, G. P. (2020). PICRUSt2 for prediction of metagenome functions. *Nature Biotechnology*, 38(6), pp.669–688. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0550-z>
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods* 13:7, 13(7), pp. 581–583. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>
- Carlson, C. J., Kralalik, I. T., Ross, N., Alexander, K. A., Hugh-Jones, M. E., Fegan, M., Elkin, B. T., Epp, T., Shury, T. K., Zhang, W., Bagirova, M., Getz, W. M., & Blackburn, J. K. (2019). The global distribution of *Bacillus anthracis* and associated anthrax risk to humans, livestock and wildlife. *Nature Microbiology*, 4(8), pp. 1337–1343. <https://doi.org/10.1038/s41564-019-0435-4>
- CONANP. (2000). Programa de manejo Área de Protección de Flora y Fauna islas del golfo de California. In *Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas* (1st ed.). Instituto Nacional de Ecología.
- Daszak, P., Cunningham, A. A., & Hyatt, A. D. (2000). Emerging infectious diseases of wildlife - Threats to biodiversity and human health. *Science*, 287(5452), pp.443–449. <https://doi.org/10.1126/science.287.5452.443>

- Daszak, P., Cunningham, A. A., & Hyatt, A. D. (2001). Anthropogenic environmental change and the emergence of infectious diseases in wildlife. *Acta Tropica*, 78(2), pp. 103–116. [https://doi.org/10.1016/S0001-706X\(00\)00179-0](https://doi.org/10.1016/S0001-706X(00)00179-0)
- Delpont, T. C., Power, M. L., Harcourt, R. G., Webster, K. N., & Tetu, S. G. (2016). Colony location and captivity influence the gut microbial community composition of the Australian sea lion (*Neophoca cinerea*). *Applied and Environmental Microbiology*, 82(12), pp. 3440–3449. <https://doi.org/10.1128/AEM.00192-16>
- Denkinger, J., Gordillo, L., Montero Serra, I., Murillo, J. C., Guevara, N., Hirschfeld, M., Fietz, K., Rubianes, F., & Dan, M. (2015). Urban life of Galapagos sea lions (*Zalophus wollebaeki*) on San Cristobal Island, Ecuador: Colony trends and threats. *Journal of Sea Research*, 105, pp. 10–14. <https://doi.org/10.1016/j.seares.2015.07.004>
- Denkinger, J., Guevara, N., Ayala, S., Murillo, J. C., Hirschfeld, M., Montero-Serra, I., Fietz, K., Goldstein, T., Ackermann, M., Barragán, V., Cabrera, F., Chavez, C., Dubovi, E. J., Martinez, J., & Trueba, G. (2017). Pup mortality and evidence for pathogen exposure in galapagos sea lions (*Zalophus wollebaeki*) on san cristobal island, Galapagos, Ecuador. *Journal of Wildlife Diseases*, 53(3), pp. 491–498. <https://doi.org/10.7589/2016-05-092>
- Ellison, A. M. (1996). An introduction to Bayesian Inference for Ecological Research and Environmental Decision-Making. *Ecological Applications*, 6(4), pp. 1036–1046.
- Fernández Barajas, M. E., Monreal Gómez, M. A., & Molina Cruz, A. (1994). Estructura termohalina y flujo geostrófico, en el Golfo de California, durante 1992. *Ciencias Marinas*, 20(2), pp. 267–286. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.7773/cm.v20i2.958>
- Foster, G., Higgins, R., Leclair, D., Korczak, B. M., Mikaelian, I., Patterson, I. A. P., & Kuhnert, P. (2011). Proposal of *Bisgaardia hudsonensis* gen. nov., sp. nov. and an additional genomospecies, isolated from seals, as new members of the family Pasteurellaceae. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 61(12), pp. 3016–3022. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.028027-0>
- Trillmich, F. y Ono, K. A. (1991). Pinnipeds and El Niño Responses to Environmental Stress. In W. Billing, F. Golley, O. L. Lange, J. S. Olson, O. Ridge, & H. Remmert (Eds.), *Ecological Studies* (1st ed.). Springer-Verlag. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-76398-4>
- Gaastra, W., Kusters, J. G., Duijkeren, E. Van, & Lipman, L. J. A. (2014). *Escherichia fergusonii*. *Veterinary Microbiology*, 172(1–2), pp. 7–12. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2014.04.016>
- García Aguilar, M. C., & Aurióles Gamboa, D. (2003). Cuidado materno en el lobo marino de California de Los Islotes, Golfo de California, México. *Ciencias Marinas*, 29(4B), pp. 573–583.
- Godínez, C. R., De Romillo, B. Z., Aurióles Gamboa, D., Verdugo Rodríguez, A., Rodríguez Reyes, E. A., & De la Peña Moctezuma, A. (1999). Antibodies against *Leptospira interrogans* in California sea lion pups from gulf of California. *Journal of Wildlife Diseases*, 35(1), pp. 108–111. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-35.1.108>
- Goel, A. K. (2015). Anthrax: A disease of biowarfare and public health importance. *World Journal of Clinical Cases*, 3(1), pp. 1–20. <https://doi.org/10.12998/wjcc.v3.i1.20>

- Goldstein, T., Zabka, T. S., Delong, R. L., Wheeler, E. A., Yltalo, G., Bargu, S., Silver, M., Leighfield, T., Van Dolah, F., Langlois, G., Sidor, I., Lawrence Dunn, J., & Gulland, F. M. D. (2009). The role of domoic acid in abortion and premature parturition of California sea lions (*Zalophus californianus*) on San Miguel island, California. *Journal of Wildlife Diseases*, 45(1), pp. 91–108. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-45.1.91>
- González Sánchez, R. A., Ramírez Delgado, D., Solana Arellano, E., & Licea Navarro, A. (2021). Integrated DNA Extraction Protocol to Avoid PCR-Inhibitors from Fecal and Environmental Samples for Next-Generation Sequencing. *Biomedical Journal of Scientific & Technical Research*, 37(3), pp. 29493–29499. <https://doi.org/10.26717/bjstr.2021.37.006014>
- González Suárez, M., & Gerber, L. R. (2008). A behaviorally explicit demographic model integrating habitat selection and population dynamics in California sea lions. *Conservation Biology*, 22(6), pp. 1608–1618. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2008.00995.x>
- González Suárez, M., McCluney, K. E., Auriolos, D., & Gerber, L. R. (2006). Incorporating uncertainty in spatial structure for viability predictions: A case study of California sea lions (*Zalophus californianus*). *Animal Conservation*, 9(2), pp. 219–227. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1795.2006.00022.x>
- Grenfell, B. T., & Dobson, A. P. (Eds.). (1995). *Ecology of Infectious Diseases in Natural Populations* (1st ed.). Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511629396>
- Gulland, F. M. D., Koski, M., Lowenstine, L. J., Colagross, A., Morgan, L., & Spraker, T. (1996). Leptospirosis in California Sea Lions (*Zalophus Californianus*) Stranded Along the Central California Coast, 1981–1994. *Journal of Wildlife Diseases*, 32(4), pp. 572–580. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-32.4.572>
- Hansen, M. J., Bertelsen, M. F., Christensen, H., Bojesen, A. M., & Bisgaard, M. (2012). *Otariodibacter oris* gen. nov., sp. nov., a member of the family Pasteurellaceae isolated from the oral cavity of pinnipeds. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(11), pp. 2572–2578. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.039586-0>
- Hansen, M. J., Bertelsen, M. F., Kelly, A., & Bojesen, A. M. (2017). Occurrence of pasteurellaceae bacteria in the oral cavity of selected marsupial species. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 48(4), pp. 1215–1218. <https://doi.org/10.1638/2017-0071.1>
- Hernández Camacho, C. J. (2001). *Tabla de vida del Lobo Marinos de California Zalophus californianus californianus en la lobera de Los Islotes, B.C.S. México*. Tesis de Maestría. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas, IPN, 61 pp.
- Hernández Camacho, C. J. (2009). *Demography of California sea lion colonies in the Gulf of California, Mexico*. Tesis de Doctorado. Arizona State University, 123 pp.
- Hernández Camacho, C. J., Auriolos Gamboa, D., & Gerber, L. R. (2008). Age-specific birth rates of California sea lions (*Zalophus californianus*) in the Gulf of California, Mexico. *Marine Mammal Science*, 24(3), pp. 664–676. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.2008.00199.x>
- Hernández Camacho, C. J., Pelayo González, L., & Rosas Hernández, M. P. (2021). California Sea Lion (*Zalophus californianus*, Lesson 1828). In G. Heckel & Y. Schramm (Eds.), *Ecology and Conservation of Pinnipeds in Latin America* (1st ed., pp. 119–143). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-63177-2>

- Hernández Castro, R., Martínez Chavarría, L., Díaz Avelar, A., Romero Osorio, A., Godínez Reyes, C., Zavala González, A., & Verdugo Rodríguez, A. (2005). Aerobic bacterial flora of the nasal cavity in Gulf of California sea lion (*Zalophus californianus*) pups. *Veterinary Journal*, 170(3), pp. 359–363. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2004.08.008>
- Herrera Cervantes, H. (2008). *Temperatura superficial del mar y biomasa fitoplanctónica*. Tesis de Doctorado. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C., 78 pp.
- Icaza Chávez, M. E. (2013). Microbiota intestinal en la salud y la enfermedad. *Revista de Gastroenterología de Mexico*, 78(4), pp. 240–248. <https://doi.org/10.1016/j.rgmex.2013.04.004>
- Kamada, N., Chen, G. Y., Inohara, N., & Núñez, G. (2013). Control of pathogens and pathobionts by the gut microbiota. *Nature Immunology*, 14(7), pp. 685–690. <https://doi.org/10.1038/ni.2608>
- Katoh, K., & Standley, D. M. (2013). MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30(4), pp. 772–780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- Lavaniegos Espejo, B. E., & Lara Lara, J. R. (1990). Zooplankton of the Gulf of California after the 1982-1983 El Niño event: biomass distribution and abundance. *Pacific Science*, 44(3), pp. 297–310.
- Lavery, T. J., Roudnew, B., Seymour, J., Mitchell, J. G., & Jeffries, T. (2012). High nutrient transport and cycling potential revealed in the microbial metagenome of australian sea lion (*neophoca cinerea*) faeces. *PLoS ONE*, 7(5), pp. 1-9. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0036478>
- Li, S., Ma, Q., Chen, H., Liu, Y., Yao, G., Tang, G., & Wang, D. (2020). Epidemiological Investigation and Etiological Analysis of a Cutaneous Anthrax Epidemic Caused by Butchering Sick Cattle in Guizhou, China. *Frontiers in Public Health*, 8(March), pp. 1–9. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.00065>
- Lluch Cota, S. E., Aragón Noriega, E. A., Arreguín Sánchez, F., Auriolles Gamboa, D., Jesús Bautista Romero, J., Brusca, R. C., Cervantes Duarte, R., Cortés Altamirano, R., Del Monte Luna, P., Esquivel Herrera, A., Fernández, G., Hendrickx, M. E., Hernández Vázquez, S., Herrera Cervantes, H., Kahru, M., Lavín, M., Lluch Belda, D., Lluch Cota, D. B., López Martínez, J., ... Sierra Beltrán, A. P. (2007). The Gulf of California: Review of ecosystem status and sustainability challenges. *Progress in Oceanography*, 73(1), pp. 1–26. <https://doi.org/10.1016/j.pocean.2007.01.013>
- Madigan, M. T., Martinko, J. M., Bender, K. S., Buckley, D. H., & Stahl, D. A. (2015). *Brock. Biología de los microorganismos* (M. T. Madigan, J. M. Martinko, K. S. Bender, D. H. Buckley, & D. A. Stahl (Eds.); 14th ed.). Pearson Educación, S. A.
- Marinone, S. G. (2003). A three-dimensional model of the mean and seasonal circulation of the Gulf of California. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 108(10), pp. 1–27. <https://doi.org/10.1029/2002jc001720>
- Martinez, J. L. (2009). Environmental pollution by antibiotics and by antibiotic resistance determinants. *Environmental Pollution*, 157(11), pp. 2893–2902. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2009.05.051>
- Matsen, F. A., Kodner, R. B., & Armbrust, E. V. (2010). pplacer: linear time maximum-likelihood and Bayesian phylogenetic placement of sequences onto a fixed reference tree. *BMC Bioinformatics*, 11 (538), pp. 1-16. <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2105-11-538>

- Nelson, T. M., Rogers, T. L., Carlini, A. R., & Brown, M. V. (2013). Diet and phylogeny shape the gut microbiota of Antarctic seals: A comparison of wild and captive animals. *Environmental Microbiology*, 15(4), pp. 1132–1145. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.12022>
- Pacheco Sandoval, A., Schramm, Y., Heckel, G., Brassea Pérez, E., Martínez Porchas, M., & Lago Lestón, A. (2019). The Pacific harbor seal gut microbiota in Mexico: Its relationship with diet and functional inferences. *PLoS ONE*, 14(8), pp. 1–21. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0221770>
- Pelayo González, L., Hernández Camacho, C. J., Auriolos Gamboa, D., Gallo Reynoso, J. P., Barba Acuña, I. D., Godínez Reyes, C., Ramírez Delgado, D., Ávalos Téllez, R., Rubio Rodríguez, U., & Villalobos, H. (2021). Effect of environmental variables on the number of births at California sea lion (*Zalophus californianus*) rookeries throughout the Gulf of California, Mexico. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 31(7), pp. 1730–1748. <https://doi.org/10.1002/aqc.3545>
- Peterson, R. S., & Bartholomew, G. A. (1967). *The Natural History and Behavior of the California Sea Lion* (R. S. Peterson & G. A. Bartholomew (Eds.)). The American Society of Mammalogists.
- Ramirez Delgado, D., Cicala, F., Gonzalez Sanchez, R. A., Avalos Tellez, R., Solana Arellano, E., & Licea Navarro, A. (2022). Multi-locus evaluation of gastrointestinal bacterial communities from *Zalophus californianus* pups in the Gulf of California, México. *PeerJ*, 10, pp. 1–22. <https://doi.org/10.7717/peerj.13235>
- Rinninella, E., Raoul, P., Cintoni, M., Franceschi, F., Miggiano, G. A. D., Gasbarrini, A., & Mele, M. C. (2019). What is the healthy gut microbiota composition? A changing ecosystem across age, environment, diet, and diseases. *Microorganisms*, 7(14), pp. 1–22. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7010014>
- Salazar, S., & Denking, J. (2010). Possible effects of climate change on the populations of Galapagos pinnipeds. *Galapagos Research*, 67, pp. 45–49.
- Santamaria Del Angel, E., Alvarez Borrego, S., & Muller Karger, F. E. (1994). The 1982-1984 El Nino in the Gulf of California as seen in coastal zone color scanner imagery. *Journal of Geophysical Research*, 99, pp. 7423–7431. <https://doi.org/10.1029/93JC02147>
- Schramm, Y., Mesnick, S. L., De La Rosa, J., Palacios, D. M., Lowry, M. S., Auriolos-Gamboa, D., Snell, H. M., & Escorza-Treviño, S. (2009). Phylogeography of California and Galápagos sea lions and population structure within the California sea lion. *Marine Biology*, 156(7), pp. 1375–1387. <https://doi.org/10.1007/s00227-009-1178-1>
- Soriano Vargas, E., Longinos Garduño, M., & Fernández Rosas, P. (2003). Aislamiento y caracterización de *Ornithobacterium rhinotracheale* obtenido de pavos con enfermedad respiratoria. *Veterinaria México*, 34, pp. 284.288.
- Stamatakis, A. (2014). RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30(9), pp. 1312–1313. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033>
- Szteren, D., Auriolos, D., & Gerber, L. R. (2006). Population status and trends of the California sea lion (*Zalophus californianus californianus*) in the Gulf of California, Mexico. *Sea Lions of the World*, pp. 1–17. <https://doi.org/10.4027/slw.2006.25>

- Szteren, D., & Auriol Gamboa, D. (2011). Regionalización ecológica de las colonias reproductivas de *Zalophus californianus*, como herramienta para su conservación en el Golfo de California. *Ciencias Marinas*, 37(3), pp. 349–368.
- Szteren Jezierski, D. I. (2006). *Regionalización ecológica de las colonias reproductivas de Zalophus c. californianus en el Golfo de California México*. Tesis de Doctorado. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas IPN, 180 pp.
- Trites, A. W., & Donnelly, C. P. (2003). The decline of Steller sea lions *Eumetopias jubatus* in Alaska: A review of the nutritional stress hypothesis. *Mammal Review*, 33(1), pp. 3–28. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2907.2003.00009.x>
- Trites, A. W., & Jonker, R. A. H. (2000). Morphometric measurements and body conditions of healthy and staveling Steller sea lion pups (*Eumetopias jubatus*). *Aquatic Mammals*, 26.2, pp. 151–157.
- Underwood, J. G., Hernandez Camacho, C. J., Auriol Gamboa, D., & Gerber, L. R. (2008). Estimating sustainable bycatch rates for California sea lion populations in the Gulf of California. *Conservation Biology*, 22(3), pp. 701–710. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2008.00919.x>
- Valdéz Holguín, J. E., & Lara Lara, J. R. (1987). Primary Productivity In The Gulf Of California Effects Of El Niño 1982-1983 Event. *Ciencias Marinas*, 13(2), pp. 34–50. <https://doi.org/10.7773/cm.v13i2.533>
- Velarde, E., Ezcurra, E., Cisneros-Mata, M. A., & Lavín, M. F. (2004). Seabird ecology, El Niño anomalies, and prediction of sardine fisheries in the Gulf of California. *Ecological Applications*, 14(2), pp. 607–615. <https://doi.org/10.1890/02-5320>
- Wilson, B. A., & Ho, M. (2013). *Pasteurella multocida*: From Zoonosis to cellular microbiology. *Clinical Microbiology Reviews*, 26(3), pp. 631–655. <https://doi.org/10.1128/CMR.00024-13>
- Zavala González, A., & Mellink, E. (1997). Entanglement of California sea lions, *Zalophus californianus*, in fishing gear in the central-northern part of the Gulf of California, Mexico. *Fishery Bulletin*, 95(1), pp. 180–184.

Anexos

Tabla 13. Valores de ICC y TSM promedio (TSM promedio) para la estación primavera para cada lobera y año de estudio.

Año	Isla	ICC	TSM(promedio)		Año	Isla	ICC	TSM(promedio)
2008	can	1.00666173	19.8		2008	mac	0.86119554	22.16
2008	can	1.18739206	19.8		2008	mac	1.13154173	22.16
2008	can	0.8066768	19.8		2009	mac	1.10116999	19.86
2008	can	1.00284138	19.8		2009	mac	1.06768351	19.86
2008	can	0.94712797	19.8		2009	mac	1.07414591	20.95
2008	can	1.01374183	19.8		2009	mac	0.956807	17.23
2008	can	0.88318417	19.8		2009	mac	0.94086022	17.23
2008	can	1.00023261	22.24		2009	mac	0.87060117	17.23
2008	can	0.99765258	22.24		2009	mac	1.18984664	17.23
2008	can	0.99573258	22.24		2009	mac	1.01357307	17.23
2009	can	0.81871345	20.16		2009	mac	0.83426029	17.23
2009	can	0.90909091	20.16		2009	mac	1.13955119	17.11
2009	can	0.84841104	20.42		2011	mac	0.96742986	18.22
2009	can	0.98222638	16.8		2011	mac	0.6462585	19.43
2009	can	0.7980846	16.8		2011	mac	0.56099152	19.43
2009	can	1.00477267	16.8		2017	mac	0.97465887	19.39
2009	can	1.08292961	16.8		2017	mac	1.03389228	19.39
2009	can	1.15008626	16.8		2017	mac	0.80661424	19.39
2009	can	1.04895105	17.66		2017	mac	0.88399293	19.39
2009	can	1.0708822	17.66		2017	mac	0.79744817	19.39
2009	can	1.1627907	17.66		2017	mac	0.84548721	19.39
2011	can	0.8190618	18.36		2017	mac	0.77502994	19.39
2011	can	0.80882353	18.36		2008	par	1.26582279	20.29
2011	can	0.73529412	18.36		2008	par	1.41129032	20.29
2011	can	0.69204152	19.69		2008	par	1.10032363	20.29
2011	can	1.03898334	19.33		2008	par	1.13895216	20.29
2011	can	0.92839735	19.33		2008	par	1.18081181	20.64
2011	can	1.06055001	19.33		2008	par	1.10701107	20.64

2011	can	1.01845958	19.33		2008	par	1.1592293	22.16
2011	can	0.93854969	19.33		2008	par	1.02175742	22.16
2011	can	1.01205857	19.33		2008	par	0.97199441	22.16
2017	can	1.02941177	19.65		2008	par	0.84421066	21.39
2017	can	0.81168831	19.65		2009	par	0.83916084	20.95
2017	can	0.91292135	19.65		2009	par	0.856108	20.95
2017	can	0.81845238	19.65		2009	par	0.8138904	20.61
2017	can	0.89285714	19.65		2009	par	0.64599483	20.61
2008	col	0.90166244	20.91		2009	par	0.92753623	20.61
2008	col	0.90166244	20.91		2009	par	0.99009901	20.45
2008	col	0.98199673	20.91		2009	par	1.03448276	17.11
2008	col	0.66365008	20.6		2009	par	1	17.11
2008	col	1.03327134	21.24		2009	par	1	17.11
2008	col	1.03327134	21.24		2009	par	0.96551724	17.11
2008	col	1.01962784	21.24		2011	par	0.71036487	19.43
2008	col	0.99368302	21.24		2011	par	0.66622252	19.43
2008	col	0.94107806	22.39		2011	par	0.69752695	19.43
2008	col	0.99785461	22.39		2011	par	0.71307301	19.43
2009	col	0.96867937	20.42		2011	par	0.78457012	19
2009	col	1.0053223	20.42		2011	par	0.63291139	19
2009	col	1.0644589	20.42		2011	par	1.04493208	20.27
2009	col	0.7661559	17.95		2011	par	0.89970271	20.27
2009	col	0.93984962	17.95		2011	par	1.04181533	18.73
2009	col	1.14942529	17.95		2011	par	1.00208434	18.73
2009	col	1.07047279	17.95		2008	ras	1.54220779	20.64
2009	col	1.11111111	17.95		2008	ras	1.2987013	21.8
2009	col	0.94089974	17.95		2008	ras	1.48809524	21.8
2009	col	1.20992136	17.95		2008	ras	1.42857143	21.8
2011	col	0.82304527	19.69		2008	ras	1.34920635	21.8
2011	col	0.80505655	19.69		2008	ras	0.93150685	21.39
2011	col	0.73627845	19.69		2008	ras	1.05610561	20.16
2011	col	0.76974565	19.69		2008	ras	0.99502488	20.16
2011	col	1.01419878	19.33		2008	ras	1.0130246	20.16

2011	col	1.04777871	19.33		2008	ras	0.98630137	20.16
2011	col	1.03764922	19		2008	ras	1.01814962	20.16
2011	col	1.01169993	19		2009	ras	1.23219099	20.45
2011	col	0.95972579	19		2009	ras	1.2567325	20.45
2011	col	1.01818182	19		2009	ras	1.13177041	20.45
2017	col	0.70420469	19.65		2009	ras	1.2541806	20.45
2017	col	0.78962211	19.65		2009	ras	1.37631293	20.45
2017	col	0.80756807	19.53		2009	ras	1.01087898	17.11
2017	col	0.745648	19.53		2009	ras	1.00553042	17.11
2017	col	0.79683627	19.53		2009	ras	0.97309395	18.36
2017	col	0.79849427	19.53		2009	ras	0.99448063	18.36
2008	gra	0.94235033	20.6		2009	ras	1.02727162	18.36
2008	gra	0.90423346	20.6		2011	ras	0.89825249	19
2008	gra	0.86206897	20.6		2011	ras	0.91791837	19
2008	gra	0.81411126	20.96		2011	ras	0.85199611	19
2008	gra	0.76888286	20.96		2011	ras	0.94268477	19
2008	gra	0.84230229	20.96		2011	ras	0.82070707	18.73
2008	gra	0.81477458	20.96		2011	ras	0.97680098	18.73
2008	gra	1.00396918	22.39		2011	ras	1.21042831	19.65
2008	gra	1.00235849	22.39		2017	ras	0.92030101	19.65
2008	gra	0.99952404	22.39		2017	ras	0.79909064	19.65
2009	gra	1.45067698	20.42		2017	ras	0.84006964	19.65
2009	gra	1.35938828	20.42		2017	ras	0.95240454	19.65
2009	gra	1.33971292	19.86		2017	ras	0.86568152	19.65
2009	gra	1.38181818	19.86		2017	ras	0.83512806	19.65
2009	gra	1.2	19.86		2017	ras	0.70005804	19.65
2009	gra	1.16363636	19.86		2017	ras	0.79909064	19.65
2009	gra	1.01670298	17.95		2017	ras	0.68255658	19.65
2009	gra	1.02905569	17.95		2018	ras	1.17411304	19.53
2009	gra	1.01604278	17.95		2018	ras	0.75974557	19.53
2011	gra	0.99335592	19.69		2018	ras	1.28821313	19.53
2011	gra	0.95117311	18.22		2018	ras	0.94614414	19.53
2011	gra	0.97495244	18.22		2018	ras	1.07993066	19.53

2011	gra	1.09022556	18.22		2018	ras	0.94603401	19.53
2011	gra	0.978819	18.22		2018	ras	0.9235657	19.53
2011	gra	1.09000311	18.22		2018	ras	0.87610976	19.53
2011	gra	0.96381047	19		2018	ras	0.87380724	19.53
2011	gra	0.88919289	20.27		2018	ras	1.20063541	19.53
2011	gra	0.9894478	20.27		2018	ras	0.95830423	19.53
2011	gra	1.14916373	20.27		2018	ras	0.83017142	19.53
2017	gra	1.02774923	19.53		2019	ras	1.00276803	19.39
2017	gra	0.9486916	19.53		2019	ras	0.92563202	19.39
2017	gra	0.94005351	19.39		2019	ras	1.05633469	19.39
2008	mac	1.04116611	20.96		2019	ras	0.92563202	19.39
2008	mac	1.18289867	20.29		2019	ras	0.89039706	19.39
2008	mac	0.94796188	20.29		2019	ras	0.94793641	19.39
2008	mac	1.09858341	20.29		2019	ras	1.21668127	19.39
2008	mac	1.16862583	20.29		2019	ras	0.93665145	19.39
2008	mac	1.09126984	22.39		2019	ras	0.99110793	19.39
2008	mac	0.8895866	22.16		2019	ras	1.10592581	19.39
					2019	ras	1.04472662	19.39
					2019	ras	0.86373847	19.39

HR	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Can 1	Can -2	Can -3	Col -1	Col -2	Col -3	Gra -1	Gra -2	Gra -3	Mac -1	Mac -2	Mac -3	Par -1	Par -2	Par -3	Ras -1	Ras -2	Ras -3
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	1	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	6	0	0	0	0
V2	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	0	0	0	0	0	0	1	1	0	4	7	0	0	1	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	5	17
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	6	22	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	12
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	21	0	0	0	0	0	0	0	3	0	3	0	7	15	0	0	5
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	13	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	3	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	6	3	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	11	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	23	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	6	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	50	19	87	25	8	7	0	1	8	37	62	44	35	33	28	41	66	1
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	11	8	1	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Butyrivibrio	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Epsilonbacteraoet a	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Epsilonbacteraoet a	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	6	2	5
V2	Epsilonbacteraoet a	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	8	4	1	5
V2	Epsilonbacteraoet a	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

V2	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	0	9	19	25	14	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	26	8	20	2	0	0	5	0	2	0	5	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	11	18	15	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	<i>Carnobacterium</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	4	0	0	3	9	4	0	0	0
V2	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	<i>Catenisphaera</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	0
V2	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	<i>Catenisphaera</i>	9	17	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	<i>Dielma</i>	0	0	0	0	0	0	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	19	26	38	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	27	31	28
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	0	10	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	0	0	0	0	2	3	0	0	0	0	0	0	12	0	23
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	42	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	16	67	15	7	2	0	71	48	57	26	12	42	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	10	16	8	0	11	19	1	0	0	13	16	5	36	35	2	36	23	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	31	223	182	38	27	40	297	350	299	267	327	332	32	31	27	283	343	329
						1			3	5							8	4	2				
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Eubacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	3	0	0	4	0	2
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Eubacterium</i>	9	22	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	8	21	1	6	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Eubacterium</i>	86	45	54	0	0	0	5	4	15	3	4	0	22	25	27	18	18	3
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Eubacterium</i>	0	0	0	0	0	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	1	2	0	2	14	5	0	0	0	26	15	22	3	3	10	23	30	41
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	8	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	5	0	0	0	0
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0

V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	5	17	10	0	3	0	0	0	0	5	17	9	2	4	9	11	0	34
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	2	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Lachnoclostridium</i>	0	6	0	0	0	0	1	0	0	5	6	7	2	0	2	0	2	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Moraxella</i>	0	0	0	1	0	0	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Deferribacteres	Deferribacteres	Deferribacterales	Deferribacteraceae	<i>Mucispirillum</i>	3	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Negativibacillus</i>	3	8	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	2	1	0	0	6	5	53	48	56	10	4	7	2	1	1	6	7	6
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Oceanivirga</i>	0	0	0	0	0	0	9	7	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Oceanivirga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Oceanivirga</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Oceanivirga</i>	0	0	0	0	0	0	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1
V2	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Oceanivirga</i>	0	6	0	0	0	0	0	0	0	7	0	3	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	<i>Odoribacter</i>	0	1	3	0	0	2	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	0	0	0	15	35	45	17	21	19	0	0	0	12	20	1	0	0	6
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	0	0	0	0	9	0	16	13	30	4	0	0	2	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	1	9	16	16	25	83	27	45	24	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	0	10	0	0	9	0	0	0	0	3	13	5	0	0	0	3	1	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	0	0	0	0	2	0	21	0	0	0	0	0	0	0	17	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	<i>Paludibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	<i>Paludibacter</i>	0	0	0	0	0	0	5	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	<i>Phascolarctobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
V2	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	<i>Phascolarctobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	3	6	0	0	6
V2	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	<i>Phascolarctobacterium</i>	2	4	0	0	3	0	0	0	0	1	0	4	17	11	22	8	4	9

V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	2	6	25	13	15	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	0	10	2	4	7	16	0	0	0	7	8	15	8	3	19	3	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	8	11	20	10	19	74	3	0	5	38	16	25	11	15	12	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Roseburia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Roseburia</i>	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	6	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Ruminococcaceae</i>	10	11	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	3	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Ruminococcaceae</i>	0	6	2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	0	0	0	0	1	0	2	6	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	3	1	0	0	5	0	15	25	24	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	0	0	0	12	5	0	4	0	0	1	8	0	1	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Burkholderiaceae	<i>Sutterella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	10	8	2	1	0	1	7	7
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Burkholderiaceae	<i>Sutterella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Tyzzterella</i>	0	1	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Tyzzterella</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Cardiobacteriales	Cardiobacteriaceae	<i>uncultured</i>	0	1	4	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	2	0	0	0
V2	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	<i>uncultured</i>	0	2	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	no asignado	13	22	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	6	0	18	6	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	no asignado	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	4
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Family	no asignado	3	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Family	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	2	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	no asignado	1	11	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Neisseriaceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	no asignado	3	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0	1	0	2	0	0

V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	1	0	0	
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	19	14	0	0	0	
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	no asignado	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V2	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	no asignado	0	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	no asignado	6	0	6	19	20	54	0	0	0	12	11	14	0	0	9	0	0	
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	no asignado	0	0	0	0	0	2	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	no asignado	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	6	13	
HR	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Can 1	Can -2	Can -3	Col -1	Col -2	Col -3	Gra -1	Gra -2	Gra -3	Mac -1	Mac -2	Mac -3	Par -1	Par -2	Par -3	Ras -1	Ras -2	Ras -3
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	2	6	7	3	1	2
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	15	13	21	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	3	0	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	7	0	7	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Family	Anaerococcus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Anaerofilum	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	14	5	0	1	1	0	0	0	0	11	16	13	3	3	0	4	13	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	2	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	7	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	58	67	81	0	3	0	0	0	0	83	49	52	31	57	40	62	49	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	20	0	0	0	2	0	0	0	0	41	86	52	16	0	10	27	6	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	5	2	0	8	2	45	0	0	0	12	10	0	7	0	0	5	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	1	4	0	0	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	1	5	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	2	3	0	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	10	3	9	0	0	0	0	0	0	0	0	8	9	14	0	0	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	0	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	0	3	0	0	1	0	0	0	0	0	8	0	34	23	31	19	10	

V3	Spirochaetes	Brachyspirae	Brachyspirales	Brachyspiraceae	<i>Brachyspira</i>	6	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococaceae;	<i>Butyricicoccus</i>	3	1	7	0	0	0	0	0	0	1	3	4	1	0	2	1	2	0
V3	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteracea e	<i>Campylobacte</i>	3	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	
V3	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteracea e	<i>Campylobacter</i>	7	16	32	22	10	8	2	10	5	7	12	13	9	8	17	7	13	34
V3	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteracea e	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	2	1	0	0	0	6	0	0	0	1	3	0	0	0	0
V3	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteracea e	<i>Campylobacter</i>	4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	4	4	4	13
V3	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	<i>Catenisphaera</i>	6	12	8	6	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	7	2	0	0	2	0	0	0	0	3	0	0	4	13	9	10	53	18
V3	Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	4	0	24	25	11	9	13	3
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacte ria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	29	44	0	0	0	0	45	38	0	5	13	21	0	0	24
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacte ria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	3	0	0	
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacte ria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	18	21	15 5	8	0	0	19	0	48	30	20	42	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacte ria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	12	14	23	0	11	0	0	0	6	0	0	0	0	0	15	11	27	
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacte ria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	50	52	60	10 3	89	35	4	6	3	101	101	157	77	88	61	135	125	103
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Eubacterium</i>	54	55	52	6	4	0	6	2	8	1	8	0	39	23	25	13	18	14
V3	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	7	0	0
V3	Epsilonbacteraot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	<i>Helicobacter</i>	30	31	25	3	3	0	0	0	0	0	1	0	16	16	21	3	24	4
V3	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	<i>Dielma</i>	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Moheibacter</i>	0	0	0	0	2	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Moheibacter</i> ;	1	0	0	4	8	11	0	0	0	3	3	0	1	0	0	1	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacte ria	Betaproteobacteria les	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	0	0	0	8	0	0	0	9	0	4	6	0	0	0	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacte ria	Betaproteobacteria les	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	2	1	4	7	12	8	83	43	73	10	7	9	3	1	0	8	9	8
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	<i>Odoribacter</i>	7	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	5	0	1	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Ornithobacterium</i> ;	1	4	0	30	18	0	116	121	116	0	0	0	0	0	0	2	0	1
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Ornithobacterium</i> ;	12	3	6	0	0	0	18	12	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0

V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	0	0	0	18	40	0	17	19	16	0	0	0	9	21	5	0	0	3
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	8	5	21	17	18	83	35	38	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	8	17	25	48	28	0	32	51	58	0	0	0	4	0	15	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	6	12	0	0	30	0	21	46	46	5	0	0	10	0	12	1	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	0	0	0	11	6	0	0	0	1	0	0	0	5	0	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	0	0	0		23	14	41	35	0	12	12	11	0	17	2	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaeae	<i>Peptoclostridium</i>	5	11	0	0	0	0	0	3	1	0	3	0	4	0	6	14	9	0
V3	Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	<i>Phascolarctobacterium</i>	5	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	8	17	7	13	10	3	20
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	19	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	0	0	2	10	13	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	0	0	17	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	9	7	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	1	0	2	9	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	25	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	3	0	0	2	0	27	27	40
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	10	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	21	16	10	17	22	16	1	4	2	37	35	36	23	11	19	4	3	12
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	4	18	15	6	18	74	9	0	6	10	0	1	2	16	3	2	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	11	0	0	0

V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	1	0	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	6	7	21	0	6	0	0	0	7	0	0	0	12	25	25	0	0	0
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	<i>Rikenellaceae</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Roseburia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	4	2	0	0	0	
V3	Tenericutes	Mollicutes	Entomoplasmatales	Spiroplasmataceae	<i>Spiroplasma</i>	1	1	0	0	0	0	11	11	6	0	0	0	0	0	0	0	1	4
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	0	0	3	0	3	0	37	20	26	5	0	5	0	0	0	6	9	8
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Burkholderiaceae	<i>Sutterella</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	1	7	6	9	0	3	0	9	4	11
V3	Patescibacteria	Gracilbacteria	JGI0000069-P22	uncultured bacterium	<i>uncultured</i>	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V3	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>uncultured</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	no asignado	0	4	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	no asignado	0	0	0	3	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	
V3	Bacteroidetes	Bacteroidia	Chitinophagales 0.9		no asignado	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales		no asignado	3	8	5	14	11	9	0	5	0	19	33	31	17	16	16	0	3	
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	no asignado	0	0	0	13	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	no asignado	10	11	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	no asignado	8	12	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	4	1	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	3Lachnospiraceae	no asignado	11	0	0	0	0	5	0	0	0	6	3	0	4	9	0	0	16	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	19	21	0	0	0	0	0	0	
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	no asignado	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	3	
V3	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	no asignado	12	16	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	7	4	9	14	
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	no asignado	2	3	0	0	0	2	0	0	0	1	2	0	6	5	4	7	3	
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	4	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	
HR	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Can 1	Can -2	Can -3	Col -1	Col -2	Col -3	Gra -1	Gra -2	Gra -3	Mac -1	Mac -2	Mac -3	Par -1	Par -2	Par -3	Ras -1	Ras -2	Ras -3
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	<i>Alistipes</i>	26	9	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	<i>Alistipes</i>	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	15	28	11	14	5	
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Alloprevotella</i>	12	11	0	0	0	0	0	0	0	1	0	5	21	21	17	17	15	

V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	15	13	14	0	0	0	0	0	0	17	9	11	17	11	5	10	0	4
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	225	161	315	17	17	34	0	0	0	336	381	322	137	148	178	369	309	314
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	61	77	21	0	8	6	0	0	0	11	73	20	22	19	30	30	13	26
V4	Actinobacteria	Coriobacterii	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	6	15	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	73	80	92	24	17	11
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia-Shigella	0	50	0	0	0	31	0	0	0	127	0	126	101	0	0	38	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia-Shigella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	145	0	0	0	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia-Shigella	0	0	0	0	0	0	5	0	0	86	15	0	0	0	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia-Shigella	80	53	77	109	96	125	0	5	3	0	0	140	119	97	212	126	232	226
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia-Shigella	0	0	55	0	118	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	148
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia-Shigella	22	0	0	102	4	5	0	0	0	93	171	0	0	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Eubacterium	0	0	112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae3	Eubacterium	127	118	73	12	0	6	0	0	0	5	0	0	60	60	61	48	68	34
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Fournierella	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	26	0	0	0	0	2	0	0
V4	FusoBacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	5	22	18	0	6	0	25	40	42	1	0	0	0	0	0	2	0	39
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Marvinbryantia	21	36	13	0	1	0	6	3	3	29	60	22	120	98	86	54	25	45
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Negativibacillus	0	14	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	0	6	0	8	9	25	24	39	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	0	0	0	32	22	38	0	0	0	8	7	10	4	0	1	1	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	0	0	0	62	35	102	241	241	208	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	0	2	0	5	9	4	3	8	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	0	0	0	28	7	22	136	152	116	0	0	0	0	0	0	3	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	0	5	0	0	9	24	26	37	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0

V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Ornithobacterium</i>	93	103	87	0	3	15	39	19	33	0	2	0	0	0	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	71	0	0	29 0	22 7	11 8	0	0	208	0	35	0	0	13 1	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	0	55	0	0	0	0	46	0	0	28	0	24	66	72	57	0	176	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	13 3	84	112	29 3	28 6	34 8	416	455	270	141	56	203	20 2	19 8	20 7	7	7	13
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae	<i>Peptoclostridium</i>	0	30	0	0	25	2	0	0	0	4	0	9	20	33	17	48	70	46
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	5	13	16	18	29	20	88	64	87	26	7	6	27	14	17	208	136	155
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	5	6	4	0	0	1	1	1	33	1	0	0	8	12	1	1	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	8	18	15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	6	5	11	18	12	19	0	0	0	38	14	31	19	9	8	5	6	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	0	6	4	0	6	2	3	0	0	42	0	53	5	6	6	3	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	22	38	69	61	10 2	85	1	0	0	16	14	39	9	2	6	9	0	12
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	77	20	17	16	16	15	3	5	6	8	0	0	10	0	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae;D	<i>Psychrobacter</i>	0	0	0	6	5	0	0	0	0	15	14	0	0	0	7	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Ruminococcaceae</i>	61	97	39	0	2	0	3	0	0	12	3	14	6	25	23	8	2	4
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	BetaProteobacteriales	Burkholderiaceae	<i>Sutterella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	7	0	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	uncultured	24	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Gemmatimonadetes	Longimicrobia	Longimicrobiales	Longimicrobiaceae	uncultured	0	0	0	0	6	3	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidetes	Bacteroidia	Chitinophagales		no asignado	0	0	0	20	12	29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Family	no asignado	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	18	21	7
V4	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	no asignado	7	7	12	23	39	42	44	52	55	56	85	71	40	39	69	22	4	12
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	no asignado	0	5	0	0	2	1	0	1	0	3	0	4	0	5	0	16	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	no asignado	10	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	6	0	10	14	11
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	14	0	11	29	0	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	no asignado	0	4	0	0	1	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	2	0

HR	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Ca n 1	Can -2	Can -3	Col -1	Col -2	Col -3	Gra -1	Gra -2	Gra -3	Mac -1	Mac -2	Mac -3	Par -1	Par -2	Par -3	Ras -1	Ras -2	Ras -3
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Adhaeribacter</i>	0	0	0	22	10	28	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	5
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	<i>Alistipes</i>	9	8	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	<i>Alistipes</i>	7	0	6	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	<i>Alistipes</i>	2	6	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	19	15	38	10	6	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Alloprevotella</i>	10	4	0	0	0	0	0	0	0	2	1	3	8	17	13	7	10	7
V6 -7	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Arcanobacterium</i>	7	19	26	0	0	0	0	0	0	17	38	21	15	8	6	2	3	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	21	0	19	0	0	0	6	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	22	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	13 7	101	201	19	14	17	0	0	0	116	143	165	11 7	13 9	12 6	102	106	135
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	18	36	22	0	3	0	0	0	0	10	8	3	6	12	31	3	0	4
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	26	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	15	2	26	0	0	0	0	0	0	1	0	0	13	16	10	1	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	7	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	0	0	0	0	7	0	0	0	0	32	0	0	25	0	0	47	60	37

V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	7	0	0	0	7	0	0
V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Blautia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	
V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Blautia</i>	8	5	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	60	44	58	23	0	6
V6 -7	Spirochaetes	Brachyspirae;D	Brachyspirales	Brachyspiraceae	<i>Brachyspira</i>	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	
V6 -7	Epsilonbacteraota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	21	5	0	4	7	9	21	0	3	2	0	0	8	4	5	5	1	23
V6 -7	Epsilonbacteraota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	0	2	0	6	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	5	2	17	32	33	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	80	57	121	111	126	41	6	0	5	137	122	162	175	133	142	140	97	103
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	97	66	79	124	77	171	6	0	5	144	154	88	82	124	109	84	105	85
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	57	119	48	39	55	43	0	0	2	46	82	47	46	46	40	55	120	72
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	9	0	2	0	2
V6 -7	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	23	24	60	52	27	33	0	0	0	154	23	132	52	55	69	164	135	183
V6 -7	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	39	0	12	0	0	0	0	26	82	60	47	23	49	61	76	67
V6 -7	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	41	28	42	0	0	12	0	0	0	13	0	0	9	8	0	29	54	18
V6 -7	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	21	24	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	9	36	0	6	14	61	17	16	13	45	91	96	38	17	26	86	133	124
V6 -7	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	0	
V6 -7	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	89	0	0	0	0	0	0	0

[illegible]

[illegible]

V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	uncultured	14	10	15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	uncultured	6	9	0	0	3	0	0	0	0	4	0	3	26	22	28	14	10	43
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	no asignado	1	0	0	0	4	3	2	4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	no asignado	13	20	15	0	0	0	3	1	3	14	0	17	11	13	11	9	8	6
V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	no asignado	9	52	0	0	0	0	0	0	0	0	4	3	13	3	3	5	0	0
V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Family	no asignado	7	5	4	2	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	7	2	8
V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Family	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	1	7	2	1
V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Family	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	3	0
V6 -7	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	no asignado	0	4	0	0	4	0	8	5	5	0	0	0	0	1	0	0	0	0
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	no asignado	21	30	0	14	28	18	0	0	0	28	24	26	23	20	30	51	46	43
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	no asignado	0	0	0	0	2	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V6 -7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0
V6 -7	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	no asignado	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
HR	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Ca n 1	Can -2	Can -3	Col -1	Col -2	Col -3	Gra -1	Gra -2	Gra -3	Mac -1	Mac -2	Mac -3	Par -1	Par -2	Par -3	Ras -1	Ras -2	Ras -3
V8	Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	2	6	2	7	0	
V8	Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	5	0	0	0	0	
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	37 4	362	410	39 5	33 7	59 5	298	342	437	465	394	353	41 9	35 0	45 7	470	452	
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	11 2	121	117	10 1	1	13	12	13	150	108	126	147	12 0	12 5	17 2	106	111	
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	48 2	529	524	53 2	71 3	41 1	466	453	449	475	529	525	50 0	55 7	40 7	455	471	

V8	Tenericutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	<i>Mycoplasma</i>	4	4	0	3	0	2	7	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	82	38	3	23	3	33	271	240	18	6	5	17	8	16	16	16	20	
HR	<i>Phylum</i>	Clase	Orden	Familia	Género	Can 1	Can -2	Can -3	Col -1	Col -2	Col -3	Gra -1	Gra -2	Gra -3	Mac -1	Mac -2	Mac -3	Par -1	Par -2	Par -3	Ras -1	Ras -2	Ras -3
V9	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Arcanobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	6	2	0	0	0	0	6	0
V9	Epsilonbacteraeota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	5	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	11	50	30	18	62	35	33	41	6	31	30	12	22	42	7	35	27	28
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	276	187	301	285	253	256	119	101	91	257	182	261	265	236	271	324	315	321
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	18	2	0	5	7	2	6	0	7	3	0	3	3	10	5	2	0	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Moraxella</i>	0	0	0	0	1	0	12	23	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	0	4	0	6	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V9	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Ornithobacterium</i>	3	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	20	58	29	38	15	58	51	52	42	12	113	52	7	20	35	28	37	51
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	0	18	0	6	4	0	0	0	0	26	0	0	8	5	0	3	0	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	20	16	25	11	15	16	0	0	0	63	68	72	68	56	52	1	1	0
V9	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Ruminococcaceae</i> <i>UCG-002</i>	15	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	25	13	12	0	0	0
V9	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	22	21	0	0	5	6	27	0	0	6	0	0	1	1	3	8	11	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	no asignado	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria			no asignado	0	0	0	10	27	10	42	52	71	0	0	0	3	12	13	1	3	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	no asignado	0	0	0	0	4	0	0	0	10	0	0	0	0	7	0	0	0	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	no asignado	12	26	17	23	9	19	104	128	158	0	3	0	0	0	0	0	0	0

Tabla 15. Ponderación de Jeffrey (1961) para intervalo de valores del Factor de Bayes (BF), adaptado de Ellison, 1996).

Factor de Bayes mayor a 1 (Hipótesis Nula)	Factor de Bayes menor a 1 (Hipótesis Alternativa)	Equivalencia
De 1 a 3	De 1 a 0.30	Evidencia escasa de la probabilidad que sean diferentes
De 3 a 10	De 0.30 a 0.10	Evidencia sustancial de la probabilidad que sean diferentes
De 10 a 30	De 0.10 a 0.03	Evidencia fuerte de la probabilidad que sean diferentes
De 30 a 100	De 0.03 a 0.01	Evidencia muy fuerte de la probabilidad que sean diferentes
Más de 100	Menos de 0.01	Evidencia contundente de la probabilidad que sean diferentes

Tabla 16. Cantidad de secuencias detectadas y asignadas (ASV) y proporción relativa.

Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Can	Col	Gra	Mac	Par	Ras	Total	Proporción
Bacteroidetes	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Adhaeribacter</i>	0	60	0	0	1	5	66	0.000783178
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	<i>Alistipes</i>	146	8	0	8	149	44	355	0.00421255
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Alloprevotella</i>	49	0	0	12	132	85	278	0.003298842
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	<i>Anaerobiospirillum</i>	42	0	0	37	33	14	126	0.001495159
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Family	<i>Anaerococcus</i>	0	0	0	0	0	4	4	4.74654E-05
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Anaerofilum</i>	3	0	0	0	0	2	5	5.93317E-05
Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Arcanobacterium</i>	52	0	2	99	30	11	194	0.002302069
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	2015	258	9	2306	1355	2087	8030	0.095286691
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Blautia</i>	45	1	0	23	310	73	452	0.005363585
Spirochaetes	Brachyspirae	Brachyspirales	Brachyspiraceae	<i>Brachyspira</i>	11	0	0	0	8	0	19	0.00022546
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Butyricoccus</i>	14	0	0	8	3	3	28	0.000332257
Epsilonbacteraeota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	128	148	133	41	89	135	674	0.007997912
Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Capnocytophaga</i>	0	7	126	0	0	0	133	0.001578223
Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	<i>Carnobacterium</i>	0	1	0	4	16	0	21	0.000249193
Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	<i>Catenisphaera</i>	64	20	0	0	0	8	92	0.001091703
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	9	2	0	3	26	81	121	0.001435827
Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>	28	1	0	16	320	84	449	0.005327986
Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	<i>Dielma</i>	0	0	9	0	0	0	9	0.000106797
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia-Shigella</i>	6011	6937	4066	7439	6840	6330	37623	0.446447219
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Eubacterium</i>	817	42	40	23	375	267	1564	0.018558952
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Fournierella</i>	0	1	0	27	0	2	30	0.00035599
Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	390	272	233	924	440	1339	3598	0.042695083
Epsilonbacteraeota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Helicobacteraceae	<i>Helicobacter</i>	86	6	0	1	53	31	177	0.002100342
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Lachnoclostridium</i>	8	2	1	96	21	7	135	0.001601956
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Marvinbryantia</i>	70	1	12	111	304	124	622	0.007380862
Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Moheibacter</i>	1	25	4	6	1	1	38	0.000450921
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Moraxella</i>	0	2	56	0	0	0	58	0.000688248
Deferribacteres	Deferribacteres	Deferribacterales	Deferribacteraceae	<i>Mucispirillum</i>	10	0	0	0	0	3	13	0.000154262

Tenericutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	<i>Mycoplasma</i>	8	5	13	0	0	0	26	0.000308525
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Negativibacillus</i>	42	0	0	0	0	0	42	0.000498386
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	150	98	642	75	14	48	1027	0.012186729
Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Oceanivirga</i>	11	8	92	23	1	1	136	0.001613822
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	<i>Odoribacter</i>	37	2	0	2	20	2	63	0.000747579
Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Ornithobacterium</i>	594	1001	2912	29	39	8	4583	0.054383425
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Otariodibacter</i>	976	3117	3937	627	1371	284	10312	0.122365673
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	<i>Paludibacter</i>	0	0	10	0	0	0	10	0.000118663
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae	<i>Peptoclostridium</i>	46	27	4	16	80	187	360	0.004271882
Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Acidaminococcaceae	<i>Phascolarctobacterium</i>	18	11	16	15	117	71	248	0.002942852
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	219	299	603	263	337	780	2501	0.02967771
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	394	494	238	761	423	240	2550	0.030259161
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Psychrobacter</i>	516	629	51	558	449	39	2242	0.026604329
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	<i>Rikenellaceae</i>	0	0	4	0	0	0	4	4.74654E-05
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Roseburia</i>	0	3	0	0	33	0	36	0.000427188
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	<i>Ruminococcaceae</i>	274	2	3	30	160	14	483	0.005731441
Tenericutes	Mollicutes	Entomoplasmatales	Spiroplasmataceae	<i>Spiroplasma</i>	2	0	28	0	0	5	35	0.000415322
Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	50	37	186	25	6	47	351	0.004165084
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	<i>Succinivibrio</i>	114	124	0	41	39	48	366	0.00434308
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Burkholderiaceae	<i>Sutterella</i>	0	1	1	60	6	46	114	0.001352762
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Tyzzerella</i>	76	0	2	0	13	7	98	0.001162901
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	uncultured	85	3	0	7	84	91	270	0.003203911
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	uncultured	54	0	0	0	0	0	54	0.000640782
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Cardiobacteriales	Cardiobacteriaceae	uncultured	5	0	8	0	2	0	15	0.000177995
Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	uncultured	10	0	0	0	1	0	11	0.00013053
Gemmatimonadetes	Longimicrobia	Longimicrobiales	Longimicrobiaceae	uncultured	0	9	0	2	0	0	11	0.00013053
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	uncultured	2	0	0	0	2	0	4	4.74654E-05
Patescibacteria	Gracilibacteria	JGI0000069-P22	uncultured bacterium	uncultured	0	3	0	0	0	0	3	3.5599E-05
Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	nogenasig	26	117	152	212	149	38	694	0.008235238
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	nogenasig	55	55	400	3	7	0	520	0.006170496
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	nogenasig	55	64	27	78	115	145	484	0.005743307

Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	nogenasig	139	3	6	11	38	64	261	0.003097114
Proteobacteria	Gammaproteobacteria			nogenasig	0	47	165	0	28	4	244	0.002895386
Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	nogenasig	112	0	0	0	25	57	194	0.002302069
Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales		nogenasig	16	34	5	83	49	3	190	0.002254604
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	nogenasig	46	5	2	49	19	51	172	0.00204101
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	nogenasig	12	93	0	37	13	0	155	0.001839282
Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	nogenasig	53	0	7	31	36	23	150	0.001779951
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales		nogenasig	23	3	3	1	5	83	118	0.001400228
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	nogenasig	0	2	0	2	25	37	66	0.000783178
Bacteroidetes	Bacteroidia	Chitinophagales		nogenasig	0	65	0	0	0	0	65	0.000771312
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	nogenasig	8	2	0	6	20	13	49	0.000581451
Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	nogenasig	1	7	7	0	0	0	15	0.000177995
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	nogenasig	4	1	3	1	0	2	11	0.00013053
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	nogenasig	0	3	4	0	0	0	7	8.30644E-05
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	nogenasig	0	2	2	0	0	0	4	4.74654E-05
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Neisseriaceae	nogenasig	0	0	4	0	0	0	4	4.74654E-05

Tabla 17. Rutas metabólicas predichas por ASV econtrado. Se muestra el resultado para cada pool por lobera estudiada.

HR	ID KEGG	Categoría	Subcategoría	Ruta	Can-1	Can-2	Can-3	Col-1	Col-2	Col-3	Gra-1	Gra-2	Gra-3	Mac-1	Mac-2	Mac-3	Par-1	Par-2	Par-3	Ras-1	Ras-2	Ras-3
V2	ko00010	Metabolismo	Met. Carb	Glicólisis/Gluconeogénesis	1,000.1	1,105.3	317.8	365.9	2,466.0	153.1	1,480.0	799.9	1,285.2	1,181.3	371.3	380.3	1,606.1	644.7	681.2	1,501.3	591.6	327.7
V2	ko00020	Metabolismo	Met. Carb	Ciclo de citrato (TCA)	820.5	902.5	298.2	380.8	2,500.2	190.0	1,417.2	853.6	1,385.2	1,171.2	367.9	379.5	1,486.7	592.0	607.4	1,263.1	530.0	284.6
V2	ko00030	Metabolismo	Met. Carb	Ruta Pentosa Fosfato	1,344.8	1,521.8	431.7	436.0	3,038.8	202.2	1,871.6	1,024.9	1,711.4	1,414.9	450.0	451.4	2,102.1	846.2	883.6	1,904.7	737.9	417.0
V2	ko00040	Metabolismo	Met. Carb	Interconversión de Pentosa y Glucoronato	631.0	692.3	196.8	250.6	1,541.6	73.4	772.8	452.9	697.0	798.5	246.6	268.2	1,122.0	444.0	474.0	960.4	403.3	234.7
V2	ko00051	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismos de Fructuosa y Manosa	1,035.7	1,101.7	322.2	352.0	2,271.0	116.6	1,221.8	693.9	1,057.3	1,003.0	323.4	333.6	1,533.8	601.8	613.5	1,524.8	605.2	303.5
V2	ko00052	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Galactosa	904.3	991.2	281.4	310.7	1,858.0	74.4	1,045.4	586.3	910.1	979.7	310.5	325.4	1,418.5	556.1	598.6	1,343.4	558.9	295.9
V2	ko00053	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Ascorbato y Aldarato	543.0	501.2	140.7	218.5	1,421.8	75.9	771.0	436.1	612.5	534.8	167.2	182.5	823.9	318.9	303.7	766.7	318.7	148.5
V2	ko00061	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos grasos	1,256.0	1,474.5	399.4	459.9	3,408.5	271.1	2,030.1	1,130.2	1,928.0	1,528.4	476.0	477.2	2,114.0	839.7	910.2	1,726.6	662.5	421.7
V2	ko00071	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Ácidos grasos	446.9	454.6	131.1	189.4	1,242.3	93.3	584.4	352.2	567.4	657.4	195.2	210.6	815.7	311.5	306.0	645.5	259.1	149.2
V2	ko00072	Metabolismo	Met. Lip	Síntesis y degradación de cuerpos cetónicos	456.4	518.3	127.1	152.7	1,498.0	126.2	714.7	385.8	758.8	796.4	199.1	238.5	861.1	314.2	295.6	646.3	235.5	0.0
V2	ko00100	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Esteroides	3.3	3.5	1.5	1.6	20.8	4.6	1.5	0.3	1.9	16.9	2.8	4.1	10.1	4.6	3.2	1.9	0.0	0.0
V2	ko00120	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos biliares primarios	9.7	34.0	10.4	1.3	36.2	1.2	28.0	0.8	5.1	35.8	6.9	13.1	13.5	7.0	22.9	39.6	19.2	15.7
V2	ko00121	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos biliares secundarios	87.0	306.0	93.2	12.0	325.5	10.7	252.0	7.0	43.0	322.0	62.0	118.0	121.3	62.7	206.0	356.0	173.0	141.0
V2	ko00130	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de ubiquinona y otros quinona-terpenoides	570.2	539.0	173.9	321.9	2,194.0	166.5	1,113.3	722.0	1,060.9	768.2	243.5	252.8	1,041.5	423.2	370.2	820.4	346.0	179.0
V2	ko00140	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de hormonas esteroideas	29.5	43.9	13.0	13.1	81.3	5.3	26.3	18.9	25.8	55.7	13.2	17.4	58.6	22.8	26.3	46.7	21.4	15.9
V2	ko00190	Metabolismo	Met. Energ	Fosforilación oxidativa	403.1	467.3	138.2	162.5	1,107.2	78.2	696.3	382.7	683.7	554.7	171.4	173.0	703.1	277.6	288.4	609.8	249.1	134.6
V2	ko00230	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Purinas	756.2	844.7	241.6	291.8	1,977.5	139.7	1,190.0	656.6	1,074.3	921.0	289.6	293.7	1,288.1	514.0	532.4	1,113.2	435.6	259.7
V2	ko00240	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Pirimidina	936.3	1,074.9	311.1	330.9	2,318.2	168.3	1,459.7	785.2	1,330.2	1,101.5	349.5	346.8	1,537.1	615.6	652.8	1,366.6	529.9	313.1

V2	ko00250	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Alanino, Aspartato y Glutamato	1,284.1	1,500.3	448.4	448.3	2,913.9	207.2	1,772.9	950.6	1,602.9	1,546.1	484.5	495.8	2,140.6	852.7	932.3	1,888.0	759.3	434.8
V2	ko00253	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de tetraciclina	555.5	647.5	156.8	210.1	1,682.2	130.3	0.0	0.0	912.7	693.9	211.1	213.8	885.8	353.1	372.2	758.6	0.0	0.0
V2	ko00260	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Gliina, Serina y Treonina	950.5	1,044.7	312.2	370.4	2,443.9	182.5	1,433.3	829.6	1,346.2	1,162.7	364.6	369.2	1,614.1	643.2	659.7	1,364.2	548.6	299.4
V2	ko00270	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de GCisteína y Metionina	952.7	1,113.9	300.0	336.0	2,422.3	162.0	1,449.9	807.3	1,331.8	1,136.2	350.7	365.6	1,632.6	645.0	696.8	1,398.3	533.3	338.2
V2	ko00280	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Valina, Leucina e Isoleucina	382.5	425.3	135.7	143.6	993.7	85.2	552.4	313.8	546.8	593.9	170.4	183.6	701.1	268.3	280.6	558.5	224.8	118.9
V2	ko00281	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Degradación de Geraniol	332.2	0.0	93.5	176.1	1,059.8	78.3	507.8	327.4	0.0	583.5	167.6	188.4	665.8	252.0	247.0	497.0	212.6	108.9
V2	ko00290	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Valina, Leucina e Isoleucina	1,698.8	1,920.7	561.8	628.4	4,246.7	326.5	2,559.9	1,421.0	2,308.7	1,961.6	617.2	624.9	2,843.3	1,135.4	1,222.2	2,357.9	928.0	547.2
V2	ko00300	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Lisina	1,135.1	1,352.0	388.3	404.4	2,833.8	227.5	1,782.5	957.2	1,649.2	1,347.8	417.1	424.3	1,912.3	775.1	829.8	1,667.5	651.0	377.9
V2	ko00310	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Lisina	242.0	251.7	68.1	101.9	683.8	51.4	343.3	206.9	338.3	330.6	97.5	107.9	433.9	165.7	163.9	343.5	138.6	77.9
V2	ko00311	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Degradación de Penicilina y cefalosporina	110.8	80.9	16.4	64.0	329.2	4.8	185.2	111.9	157.9	142.4	49.5	48.8	218.6	76.7	79.1	150.2	68.5	35.7
V2	ko00312	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	WNT3/WNT4/WNT5	108.9	130.1	35.5	64.4	312.4	0.0	157.4	0.0	160.6	166.2	53.3	52.4	269.5	107.5	98.1	165.9	71.5	47.7
V2	ko00330	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Arginina y Prolina	645.3	706.2	210.1	247.9	1,627.4	114.8	955.5	551.8	887.8	784.0	247.6	255.2	1,118.1	441.9	467.5	929.0	377.9	214.6
V2	ko00340	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Histidina	970.4	1,091.3	352.4	309.2	1,956.6	196.1	1,349.6	698.6	1,151.0	1,033.6	319.1	317.8	1,482.7	589.4	672.7	1,232.6	517.5	269.4
V2	ko00350	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Tirosina	367.0	359.8	97.9	170.4	1,060.5	66.6	522.1	327.6	475.0	506.9	154.0	168.1	660.6	254.4	246.1	547.3	223.6	124.5
V2	ko00360	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Fenilalanina	411.0	409.5	110.3	188.9	1,156.7	61.2	558.7	360.7	530.0	571.0	176.6	196.2	764.7	288.2	280.0	639.5	269.4	153.5
V2	ko00361	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Clorociclohexano y clorobenceno	98.3	92.9	19.0	42.9	238.6	3.9	91.6	67.9	94.7	114.5	36.2	42.1	166.3	61.0	54.3	154.5	67.0	33.1
V2	ko00362	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Benzoato	214.7	216.7	48.5	97.1	623.7	34.1	294.3	178.6	274.8	300.8	88.3	102.5	417.8	154.1	159.0	327.4	129.0	80.8
V2	ko00363	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Bisfenol	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	126.9

V2	ko00380	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Triptófano	238.6	255.6	65.4	103.4	773.2	61.5	420.5	234.2	395.2	374.7	103.1	117.4	445.0	169.6	172.8	338.5	0.0	0.0
V2	ko00400	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de tirosina y Triptófano	903.0	1,041.1	307.8	349.5	2,398.3	187.1	1,417.9	807.5	1,353.2	1,085.7	340.3	339.5	1,575.9	634.7	664.7	1,293.9	512.9	296.7
V2	ko00410	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Beta-Alanina	606.1	608.1	170.7	242.3	1,495.4	83.6	0.0	0.0	777.1	752.9	237.3	252.4	1,084.5	406.5	429.4	845.1	0.0	0.0
V2	ko00430	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Taurina e Hipotaurina	720.4	791.6	233.8	257.6	1,779.5	101.2	1,060.1	571.0	995.4	859.1	268.8	272.9	1,170.2	456.1	484.7	1,063.0	420.6	224.9
V2	ko00440	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Fosfonato y Fosfinato	130.7	126.7	31.9	63.9	464.0	38.8	285.8	153.3	237.5	158.8	45.6	46.8	229.2	90.4	98.0	153.0	58.3	33.0
V2	ko00450	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Seleniocompuestos	819.3	958.5	260.7	334.5	2,380.3	154.3	1,359.9	790.9	1,269.7	1,112.7	341.4	373.2	1,476.1	587.7	613.7	1,381.3	538.3	336.9
V2	ko00460	Metabolismo	Met. Amino-otros	CyanoMet. AminoAcid	511.5	674.7	208.0	180.5	1,259.0	93.7	0.0	0.0	681.1	747.6	216.9	243.3	908.5	368.0	416.7	845.9	0.0	0.0
V2	ko00471	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Glutamina y D-Glutamato	1,614.2	1,925.4	549.8	545.9	4,021.4	311.5	2,483.5	1,331.0	2,343.5	1,961.3	611.8	615.4	2,652.0	1,066.2	1,132.4	2,414.3	917.6	571.0
V2	ko00472	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Arginina y D-Ornitina	128.0	185.0	48.0	66.0	310.0	39.0	215.0	87.0	164.0	38.0	5.0	22.0	325.0	128.0	130.0	328.0	94.0	63.0
V2	ko00473	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Alanina	1,393.3	1,560.8	431.9	528.0	3,590.8	238.2	2,183.7	1,180.1	2,000.6	1,675.6	523.9	540.6	2,386.0	939.2	967.8	2,121.4	829.7	493.4
V2	ko00480	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Glutatión	658.4	675.5	185.4	326.3	2,263.6	160.6	1,253.8	761.5	1,197.2	970.4	292.7	308.5	1,229.4	488.3	462.4	983.2	390.2	224.9
V2	ko00500	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Almidón y Sucrosa	801.5	905.4	256.7	288.2	1,806.6	89.7	983.8	548.4	853.7	961.3	302.2	316.9	1,321.9	528.3	583.0	1,230.5	500.1	286.1
V2	ko00510	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Metabolismo de N-Glicanos	15.0	20.5	9.9	4.7	12.5	0.8	20.6	7.9	18.4	21.1	7.6	7.0	36.3	16.3	17.7	31.0	12.6	5.7
V2	ko00511	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de otros Glicanos	587.0	824.9	337.9	218.0	941.7	52.3	636.7	337.1	627.6	918.3	297.0	298.3	1,049.8	437.8	557.2	1,006.9	502.3	259.6
V2	ko00520	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de azúcares y otros azúcares nucleótidos	992.4	1,098.9	329.4	328.6	2,224.1	136.8	1,345.2	703.4	1,126.7	1,025.9	324.3	326.6	1,481.9	591.1	645.9	1,430.4	568.6	290.6
V2	ko00521	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Síntesis de Estreptomicina	1,008.3	1,234.4	382.8	281.0	1,694.9	91.2	1,299.3	709.7	1,272.7	1,259.1	421.7	399.1	1,487.1	610.8	709.9	1,597.4	652.1	351.0
V2	ko00531	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de Glcosaminoglicanos	0.0	0.0	0.0	0.0	273.9	0.0	231.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	164.4	0.0	0.0	0.0
V2	ko00540	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de lipopolsacáridos	834.7	953.2	313.6	469.7	3,635.7	289.3	1,896.5	1,175.7	1,941.1	1,489.8	476.3	516.8	1,796.0	738.9	692.1	1,723.9	652.2	435.8
V2	ko00550	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de Peptidoglicanos	1,452.1	1,659.7	474.9	521.9	3,687.0	282.0	2,214.1	1,229.1	2,091.3	1,738.6	539.9	553.1	2,420.8	969.9	1,008.6	2,084.1	823.1	480.7

V2	ko00561	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Glicerolipidos	415.3	445.2	119.6	150.2	1,082.9	76.9	644.6	327.6	532.1	486.8	146.3	151.2	705.4	278.2	300.7	564.6	218.9	127.5
V2	ko00562	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Inositol-fosfato	136.0	164.5	48.7	60.1	412.9	33.9	223.4	127.4	218.8	214.3	62.5	62.8	245.2	102.4	108.0	203.1	0.0	0.0
V2	ko00564	Metabolismo	Met. Lip	Met. Lip Glicerofosfato	590.1	644.2	171.9	250.1	1,774.5	122.5	977.6	562.5	891.2	761.7	232.1	244.2	1,032.6	408.5	411.0	864.9	338.7	211.9
V2	ko00591	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de ácido Linoleico	157.9	210.7	48.0	32.4	319.0	29.7	182.4	54.8	111.1	222.1	63.7	75.6	241.7	97.7	132.7	313.5	0.0	0.0
V2	ko00600	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Esfingolipidos	148.2	238.4	84.1	61.1	303.5	20.0	162.4	95.1	165.9	262.5	73.6	81.5	295.5	125.2	156.2	263.8	0.0	0.0
V2	ko00620	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Piruvato	979.7	1,105.8	310.2	397.3	2,721.4	198.7	1,590.9	895.3	1,411.7	1,209.1	370.6	384.7	1,659.6	667.4	694.0	1,418.0	552.4	335.5
V2	ko00621	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Dioxina	0.0	356.0	77.5	0.0	1,235.6	0.0	616.5	0.0	575.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	257.4	0.0	0.0	0.0
V2	ko00626	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Naftaleno	0.0	230.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	325.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V2	ko00627	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Aminobenzoato	146.5	156.9	36.6	77.8	499.1	30.1	231.8	142.9	221.5	265.4	78.0	90.0	280.1	108.9	109.3	265.5	111.5	0.0
V2	ko00630	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Glioxilato y dicarboxilato	808.5	816.1	232.2	372.1	2,265.9	139.4	1,193.9	737.8	1,127.3	1,006.7	317.2	337.9	1,467.6	562.2	541.9	1,177.5	496.8	272.0
V2	ko00633	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Nitrotolueno	302.8	316.4	69.5	147.2	999.7	34.4	379.5	259.9	402.2	522.5	165.0	186.1	605.9	228.5	203.1	596.5	235.1	148.8
V2	ko00640	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Propanoato	705.4	765.5	207.1	275.2	1,859.8	123.3	1,014.7	577.1	941.9	893.7	276.2	289.1	1,198.1	461.6	471.3	1,033.3	404.4	239.7
V2	ko00643	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Estireno	85.6	111.6	0.0	53.1	485.8	47.2	186.0	110.3	191.8	309.9	76.7	101.3	198.5	82.3	86.3	234.7	0.0	0.0
V2	ko00650	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Butanoato	654.1	696.5	183.0	295.7	2,008.3	135.3	1,046.3	619.0	955.2	935.3	288.5	317.2	1,216.6	473.1	480.8	1,080.6	421.3	269.3
V2	ko00660	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo C5- Branched dibasic acid	1,438.2	1,544.0	448.5	616.5	4,005.6	320.5	2,141.6	1,289.0	1,912.3	1,713.3	535.2	556.6	2,539.4	1,028.4	1,050.6	2,010.3	805.8	468.0
V2	ko00670	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	One carbon pool by folate	1,282.6	1,486.3	460.1	464.6	3,162.5	260.8	1,948.9	1,070.3	1,777.3	1,583.7	494.6	497.6	2,166.2	882.5	927.2	1,898.7	746.8	439.6
V2	ko00680	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Metano	419.6	488.1	142.6	157.8	1,052.3	77.0	621.7	338.6	561.9	508.2	157.6	160.5	687.2	276.1	289.9	612.8	248.4	138.5
V2	ko00710	Metabolismo	Met. Energ	Fijación de Carbono en organismos fotosintéticos	1,257.2	1,445.2	423.5	437.6	3,011.4	221.8	1,888.8	1,023.3	1,694.8	1,404.8	447.3	452.1	2,011.9	813.5	851.5	1,834.2	720.7	411.4
V2	ko00720	Metabolismo	Met. Energ	Ruta de Fijación de Carbono en procariotas	916.3	1,029.0	322.4	380.3	2,563.3	191.5	1,488.6	853.3	1,440.4	1,233.9	382.8	393.0	1,595.5	629.9	659.9	1,362.1	558.7	306.3
V2	ko00730	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Tiamina	1,236.6	1,412.2	396.8	405.8	2,690.4	191.9	1,647.8	867.0	1,490.1	1,361.3	420.6	446.8	2,082.2	816.5	900.5	1,727.3	679.5	428.0
V2	ko00740	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Riboflavina	818.3	867.5	247.3	299.2	2,030.6	142.2	1,130.5	649.1	1,108.5	986.8	308.0	327.8	1,441.6	556.8	557.5	1,181.9	460.9	286.9
V2	ko00750	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Vitamina B6	992.6	1,063.8	332.6	405.4	2,577.9	175.7	1,492.4	885.9	1,453.9	1,299.7	415.9	419.5	1,728.7	681.7	699.8	1,471.7	619.0	319.6

V2	ko00760	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Nicotina y nicotinamida	950.9	1,058.3	307.0	334.3	2,247.5	159.8	1,276.7	726.1	1,230.7	1,136.5	357.5	358.1	1,552.7	610.5	639.9	1,323.1	526.8	302.3
V2	ko00770	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Pantotenato y CoA	1,310.2	1,499.6	440.2	505.5	3,360.4	245.2	1,980.6	1,127.3	1,893.9	1,609.6	509.6	517.5	2,280.5	908.2	978.0	1,936.1	760.1	454.8
V2	ko00780	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Biotina	1,389.3	1,520.5	505.9	625.0	4,217.9	319.1	2,160.3	1,260.7	2,112.1	2,006.9	637.5	674.3	2,630.5	1,056.1	1,090.5	2,327.1	938.1	563.4
V2	ko00785	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de ácido lipoico	842.7	846.1	346.7	424.9	2,715.8	247.5	1,626.7	1,021.8	1,580.4	1,241.0	395.2	391.7	1,484.2	624.7	572.1	1,195.8	541.3	241.1
V2	ko00790	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Folato	1,048.6	1,121.4	380.1	464.4	3,110.3	265.0	1,732.1	982.3	1,650.1	1,459.5	459.7	465.8	1,901.6	769.9	775.4	1,559.0	643.9	344.3
V2	ko00860	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Porfirina y clorofila	544.7	612.0	157.9	178.1	1,361.8	99.8	823.3	410.1	701.2	667.2	196.2	216.2	993.8	380.6	413.9	816.4	295.5	220.4
V2	ko00900	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de esqueleto Terpenoide	1,012.0	1,162.7	331.9	332.0	2,456.0	189.7	1,527.4	789.6	1,385.5	1,158.3	356.3	367.5	1,669.1	661.5	711.1	1,442.0	551.8	329.6
V2	ko00906	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Carotenoides	2.7	8.1	1.3	0.0	12.2	0.8	38.2	22.0	34.1	8.4	3.9	2.8	4.8	2.6	2.6	13.6	1.0	4.2
V2	ko00908	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Zeatina	473.3	557.5	183.5	154.2	1,026.3	83.0	685.1	358.4	666.1	568.0	185.0	178.4	767.0	309.0	336.3	696.0	286.1	152.3
V2	ko00909	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Sesquiterpenoides y triterpenoides	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V2	ko00910	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Nitrógeno	698.2	725.7	202.7	325.8	2,075.0	134.1	1,122.7	668.2	1,015.2	882.7	279.3	299.5	1,259.8	492.7	488.2	1,086.0	440.5	261.5
V2	ko00920	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Sulfuros	699.5	800.2	215.5	299.6	2,056.6	140.5	1,215.6	722.4	1,103.7	898.4	268.6	293.0	1,260.3	501.7	520.5	1,058.9	409.5	262.2
V2	ko00930	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Caprolactámicos	190.4	172.9	40.1	105.9	608.8	36.2	232.2	164.9	244.8	293.2	86.8	98.0	377.9	137.1	135.3	258.8	0.0	0.0
V2	ko00941	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Biosíntesis de Flavonoides	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	23.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V2	ko00960	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Biosíntesis alcaloide de Tropano, piperidina y piridina	0.0	0.0	153.8	0.0	1,312.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V2	ko00970	Proc.Inf.Gen	Traducción	Biosíntesis Aminoácil t-RNA	1,231.6	1,462.1	411.3	431.6	3,187.7	249.0	2,023.0	1,060.9	1,871.9	1,487.3	457.6	461.6	2,059.1	823.3	870.9	1,801.4	685.5	423.7
V2	ko00983	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Metabolismo de drogas y otras enzimas	1,094.1	1,214.3	362.0	365.1	2,496.4	167.3	1,587.4	824.4	1,334.1	1,210.8	392.8	388.0	1,775.9	712.6	775.3	1,571.9	0.0	0.0
V2	ko01040	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos grasos insaturados	357.7	388.6	108.1	145.8	995.4	83.7	481.7	286.3	477.9	483.3	140.6	147.6	651.2	253.5	260.8	456.8	178.5	103.5

V2	ko03018	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Degradació de RNA	524.1	587.7	178.4	183.4	1,298.8	98.8	797.6	444.8	757.4	612.2	193.7	194.5	870.0	348.2	363.2	744.0	295.6	164.4
V2	ko03020	Proc.Inf.Gen	Transcription	RNA polimerasa	723.1	862.0	246.4	185.8	1,209.7	86.6	844.2	432.7	762.1	684.1	220.8	218.8	1,080.8	430.4	486.3	933.2	374.7	200.8
V2	ko03022	Proc.Inf.Gen	Transcription	Factores de transcripció basal	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V2	ko03030	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Replicació de DNA	949.9	1,105.2	321.9	341.2	2,475.3	188.1	1,597.7	845.1	1,438.4	1,130.9	351.8	353.5	1,569.8	631.4	674.6	1,389.4	538.3	321.4
V2	ko03050	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Proteasoma	0.0	0.0	0.0	0.9	1.8	0.0	4.7	0.2	0.7	1.5	0.4	0.0	0.0	0.3	0.0	0.3	0.0	0.0
V2	ko03060	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Exportació de proteïnes	1,165.5	1,333.5	387.8	442.1	3,123.4	242.1	1,958.1	1,062.7	1,811.0	1,415.8	441.4	441.1	1,969.7	789.0	833.4	1,665.1	652.1	384.9
V2	ko03070	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema bacteriano de excreció	816.1	853.2	232.8	367.4	2,287.2	134.5	1,280.3	765.6	1,225.7	1,013.5	323.2	337.0	1,449.2	563.6	569.5	1,213.2	492.8	284.9
V2	ko03410	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparació de excisió de bases	756.1	851.0	237.6	288.2	2,037.1	148.6	1,240.1	682.5	1,132.3	885.7	273.2	279.4	1,274.0	510.1	523.7	1,103.3	422.7	253.2
V2	ko03420	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparació de excisió de nucleòtids	529.1	633.9	181.1	184.6	1,350.2	103.1	879.0	446.5	789.8	628.6	196.3	197.1	879.3	353.6	385.1	782.6	302.1	183.1
V2	ko03430	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Mismatch repair	1,300.2	1,490.2	428.1	460.9	3,348.3	252.9	2,095.5	1,110.1	1,873.2	1,538.1	479.5	487.1	2,144.6	858.7	921.6	1,902.9	736.0	443.1

V2	ko03440	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Recombinación homóloga	1,216.2	1,380.3	403.4	438.1	3,125.8	241.0	1,931.7	1,058.1	1,777.9	1,453.7	454.0	460.4	2,013.8	806.7	840.2	1,775.5	691.8	408.0
V2	ko03450	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Non-homologous end-joining	21.6	26.6	7.6	0.0	3.4	0.0	0.0	0.0	1.3	0.0	0.0	0.0	10.6	4.6	1.4	31.8	11.2	0.0
V2	ko04080	Proc.Inf.Amb	Mol. Señal. Interacc	Neuroactive ligand-receptor interaction	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V2	ko04112	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Cell cycle - Caulobacter	1,077.9	1,308.6	380.3	370.9	2,748.2	221.2	1,774.5	935.9	1,623.4	1,294.4	399.2	402.3	1,808.7	727.7	778.5	1,564.3	603.3	370.4
V2	ko04122	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Sulfur relay system	1,042.7	1,160.2	312.3	441.7	3,221.6	268.9	1,769.5	1,013.8	1,654.7	1,320.8	397.6	430.7	1,841.9	725.2	733.8	1,517.8	578.2	382.9
V2	ko04141	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Protein processing in endoplasmic reticulum	35.0	41.5	13.2	8.4	63.9	5.5	36.9	16.5	30.1	34.7	11.0	11.0	52.5	20.2	23.4	42.5	17.6	8.2
V2	ko04146	Procesamien to celular	Transp. Catabol	Peroxisome	183.0	211.1	72.1	94.8	638.1	55.6	351.2	193.7	318.7	316.3	94.3	96.7	352.1	144.3	150.9	286.0	121.8	66.7
V2	ko04210	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Apoptosis	14.2	27.8	10.4	6.6	49.2	7.1	20.6	9.7	25.0	38.7	9.6	10.7	31.8	13.8	15.9	25.9	11.6	6.0
V2	ko04310	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	Wnt signaling pathway	0.1	0.2	0.1	0.2	1.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.6	0.2	0.2	0.2	0.0	0.3	0.1	0.0	0.0
V2	ko04626	Sistema orgánico	Adaptación ambiental	Interacción planta-patógeno	171.5	196.8	53.4	62.5	472.0	34.6	274.1	141.8	238.5	189.2	59.0	60.9	283.4	112.3	124.3	240.2	88.1	55.1
V2	ko04910	Sistema orgánico	Sistema endócrino	Vía de señalización de insulina	77.0	87.5	22.6	31.8	220.0	0.0	125.2	73.0	110.0	78.8	25.5	0.0	122.1	50.4	49.3	103.7	40.5	21.3
V2	ko04974	Sistema orgánico	Sistema Digestivo	Digestión y absorción de proteínas	23.9	28.4	15.5	5.9	12.4	1.5	20.1	9.2	24.2	31.8	12.6	10.6	36.1	15.1	19.2	39.5	21.0	6.3
V2	ko05100	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Invasión bacteriana de células epiteliales	37.9	30.3	6.3	18.6	95.6	1.1	40.9	30.5	40.9	40.6	14.1	15.1	67.4	23.7	20.5	53.1	23.3	12.2

V2	ko05110	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Infección por vibrio cholerae	0.0	0.0	0.0	0.0	4.8	0.8	10.0	3.3	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V2	ko05111	Procesamiento celular	Comunidad celular-procariotes	Cicl.Patog.V. cholerae	246.9	239.4	68.6	104.7	668.3	37.0	358.3	226.5	348.1	260.4	83.1	86.3	403.3	158.3	153.5	342.1	138.3	68.1
V2	ko05120	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Señalización de células epiteliales en infección por Helicobacter pylori	127.9	146.4	39.7	37.6	302.0	16.2	175.1	82.2	158.8	145.3	45.9	47.7	207.5	79.0	92.1	184.2	71.5	40.0
V2	ko05142	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc-parasit	Infección de Chagas	10.4	8.9	1.8	5.7	29.1	0.5	14.9	10.9	13.4	12.9	4.2	4.4	18.9	7.1	6.4	15.7	6.4	3.4
V2	ko05150	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Infección por Staphylococcus aureus	4.5	5.3	1.0	5.6	40.4	3.9	58.3	15.9	28.0	19.4	5.6	2.0	7.2	2.2	13.1	1.2	0.0	4.5
V3	ko00010	Metabolismo	Met. Carb	Glicólisis/Gluconeogénesis	1,104.2	975.8	271.2	576.8	3,225.8	160.8	1,399.6	1,162.3	1,460.1	1,316.9	504.2	440.5	1,997.3	750.7	707.3	1,514.3	651.1	366.5
V3	ko00020	Metabolismo	Met. Carb	Ciclo de citrato (TCA)	1,098.1	943.3	283.8	676.2	3,772.5	219.4	1,788.6	1,399.2	1,857.1	1,340.6	507.4	458.7	1,910.0	702.8	663.5	1,508.9	632.2	404.1
V3	ko00030	Metabolismo	Met. Carb	Ruta Pentosa Fosfato	1,502.0	1,285.9	342.3	713.3	4,067.4	205.5	1,891.0	1,481.8	1,946.8	1,533.9	599.6	538.9	2,738.2	1,031.4	961.9	2,000.0	857.7	461.4
V3	ko00040	Metabolismo	Met. Carb	Interconversión de Pentosa y Glucoronato	659.0	553.1	163.4	271.5	1,587.9	85.3	577.8	473.1	603.0	814.9	317.4	287.6	1,135.5	428.4	414.4	936.1	363.5	240.4
V3	ko00051	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismos de Fructuosa y Manosa	1,118.8	983.2	273.6	459.9	2,777.9	133.4	991.5	827.3	1,036.3	1,075.5	416.4	388.0	1,803.1	684.9	644.0	1,512.1	624.2	334.0
V3	ko00052	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Galactosa	1,011.1	836.8	237.0	300.4	1,897.2	99.9	658.0	532.9	703.3	1,111.1	440.6	405.8	1,713.4	634.6	604.7	1,464.6	596.3	340.3
V3	ko00053	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Ascorbato y Aldarato	446.4	430.6	131.7	303.9	1,781.7	89.8	618.1	540.5	634.1	499.0	170.7	177.5	727.5	297.4	279.8	628.5	245.7	146.8
V3	ko00061	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos grasos	1,696.0	1,455.4	406.4	944.9	5,406.7	273.4	2,738.5	1,992.3	2,799.9	1,908.3	724.2	689.2	3,226.7	1,177.4	1,120.1	2,087.0	897.1	533.4
V3	ko00071	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Ácidos grasos	592.7	535.0	166.6	466.5	2,455.2	124.6	740.3	838.6	780.5	986.2	368.1	303.9	1,128.7	409.5	396.1	680.4	263.6	180.8
V3	ko00072	Metabolismo	Met. Lip	Síntesis y degradación de cuerpos cetónicos	601.8	599.4	206.2	578.3	3,055.6	173.2	1,217.7	1,139.9	1,279.1	1,136.3	403.6	311.0	1,363.2	544.1	498.0	536.6	179.1	137.1
V3	ko00100	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Esteroides	8.8	8.9	4.5	10.6	44.2	4.6	4.0	19.0	2.7	19.4	6.8	2.4	9.0	5.9	4.0	3.9	0.8	0.9
V3	ko00120	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos biliares primarios	69.4	55.5	19.0	37.2	61.6	1.0	2.6	85.9	0.8	127.1	60.1	38.8	120.1	42.6	42.2	93.9	34.6	21.9
V3	ko00121	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos biliares secundarios	600.2	488.5	159.0	75.0	527.0	9.0	23.0	23.0	7.0	938.0	423.5	341.0	1,065.3	383.7	375.0	832.5	308.5	197.0

V3	ko00130	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de ubiquinona y otros quinona-terpenoides	650.9	590.7	191.1	562.4	3,331.6	167.9	1,416.0	1,096.4	1,411.8	835.8	302.0	295.2	1,151.1	449.9	435.5	806.8	310.3	227.7
V3	ko00140	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de hormonas esteroidales	18.5	20.7	7.4	30.8	113.9	6.8	5.0	51.6	5.3	55.3	20.9	13.3	37.6	14.7	14.4	28.1	8.1	0.0
V3	ko00190	Metabolismo	Met. Energ	Fosforilación oxidativa	564.4	476.7	141.8	260.1	1,490.0	84.9	693.2	493.8	715.7	689.5	267.8	232.4	1,010.1	378.0	351.8	741.7	303.8	194.6
V3	ko00195	Metabolismo	Met. Energ	Photosynthesis	0.0	0.0	0.0	241.4	1,404.6	0.0	0.0	0.0	0.0	553.7	216.6	0.0	951.7	352.6	330.3	0.0	0.0	152.0
V3	ko00230	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Purinas	934.3	814.5	228.8	467.7	2,762.4	142.5	1,187.9	905.7	1,243.1	1,078.7	411.7	378.1	1,695.6	631.7	598.8	1,273.4	525.6	318.2
V3	ko00240	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Pirimidina	1,200.4	1,034.0	285.3	576.0	3,369.8	173.1	1,565.1	1,172.2	1,634.8	1,330.1	510.8	457.2	2,122.5	791.0	746.5	1,621.2	684.6	400.0
V3	ko00250	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Alanino, Aspartato y Glutamato	1,735.2	1,444.8	406.1	743.3	4,307.6	232.0	1,938.3	1,484.5	2,009.4	1,958.9	767.9	667.3	3,024.5	1,116.4	1,044.1	2,245.2	948.8	557.2
V3	ko00260	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Gliina, Serina y Treonina	1,151.9	984.8	284.7	622.7	3,542.5	195.6	1,615.6	1,269.5	1,663.0	1,362.6	517.4	464.9	2,105.2	786.8	739.8	1,510.9	632.3	383.7
V3	ko00270	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de GCisteína y Metionina	1,163.1	986.1	275.2	544.6	3,187.2	169.1	1,578.0	1,146.6	1,602.8	1,276.5	489.4	446.5	2,165.2	808.9	762.7	1,522.7	653.8	382.7
V3	ko00280	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Valina, Leucina e Isoleucina	564.6	499.3	157.5	417.7	2,228.7	126.8	898.6	849.0	935.1	907.7	343.0	272.9	1,113.8	412.5	383.1	656.9	259.8	167.9
V3	ko00281	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Degradación de Geraniol	506.3	0.0	0.0	450.2	2,522.8	132.9	609.0	741.2	641.6	925.9	343.6	290.6	1,030.1	375.6	370.7	471.0	148.1	128.6
V3	ko00290	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Valina, Leucina e Isoleucina	2,225.1	1,853.4	538.2	1,053.1	6,251.8	321.4	2,432.9	1,905.7	2,510.5	2,416.0	929.7	815.4	3,982.6	1,498.2	1,403.6	2,687.2	1,099.6	679.8
V3	ko00300	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Lisina	1,598.1	1,344.5	372.4	713.4	4,061.1	215.7	1,909.7	1,420.4	1,980.7	1,714.3	667.2	593.4	2,906.7	1,085.6	1,014.1	2,016.4	858.7	504.5
V3	ko00310	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Lisina	291.5	276.9	87.5	229.0	1,312.0	66.6	482.8	431.5	501.7	423.8	153.2	134.7	564.6	211.4	201.4	357.6	132.3	96.6
V3	ko00311	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Degradación de Penicilina y cefalosporina	39.3	36.4	9.4	28.9	200.7	7.0	27.7	29.0	33.5	87.9	28.3	32.3	85.4	23.8	29.8	68.9	25.5	21.2
V3	ko00312	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	WNT3	104.3	67.0	18.6	0.0	177.1	10.7	0.0	0.0	59.1	130.4	47.4	50.8	312.6	130.3	119.8	198.0	71.4	46.0
V3	ko00330	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Arginina y Prolina	806.3	677.0	191.0	382.5	2,173.2	118.3	869.2	701.8	895.7	989.1	385.1	344.4	1,463.9	525.7	508.0	1,054.5	432.8	271.3
V3	ko00340	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Histidina	1,360.3	1,107.2	320.4	592.5	3,450.0	197.7	1,677.5	1,247.1	1,728.0	1,441.9	552.0	451.8	2,260.5	857.8	785.1	1,627.1	715.2	403.7
V3	ko00350	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Tirosina	327.1	306.2	94.8	229.4	1,181.0	63.3	527.6	491.8	534.2	442.7	165.3	142.0	560.2	223.5	199.5	479.1	192.1	123.9

V3	ko00360	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Fenilalanina	383.3	348.8	108.6	248.8	1,226.5	61.4	453.3	495.7	468.6	534.6	211.0	177.7	671.5	258.3	236.8	593.0	222.6	152.0
V3	ko00361	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Clorociclohexano y clorobenceno	51.3	54.2	16.7	78.0	218.1	8.2	6.1	138.9	7.9	115.8	48.0	36.8	115.7	39.2	36.8	112.9	39.5	28.0
V3	ko00362	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Benzoato	205.0	196.9	60.8	180.1	841.5	35.7	234.8	332.8	252.3	336.7	127.7	103.9	416.7	151.0	148.2	276.4	104.3	75.1
V3	ko00363	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Bisfenol	0.0	0.0	0.0	171.9	0.0	0.0	0.0	348.3	0.0	549.3	234.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00364	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	FluoroDegradación de Benzoato	0.0	0.0	0.0	80.7	0.0	0.0	0.0	161.3	0.0	107.0	43.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00380	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Triptófano	284.3	276.4	88.5	264.1	1,408.5	75.2	545.4	520.3	565.1	458.2	165.3	139.1	583.3	228.4	209.2	332.7	0.0	0.0
V3	ko00400	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de tirosina y Triptófano	1,288.6	1,059.5	307.2	622.2	3,643.9	195.2	1,722.0	1,269.3	1,764.4	1,414.5	542.0	478.0	2,308.9	869.1	819.7	1,565.6	658.7	402.1
V3	ko00410	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Beta-Alanina	650.7	568.4	174.3	347.9	1,955.1	0.0	0.0	608.1	655.1	865.5	328.5	0.0	1,144.2	424.0	395.8	914.3	375.4	241.0
V3	ko00430	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Taurina e Hipotaurina	781.0	696.6	200.0	375.7	2,223.6	118.8	784.0	685.9	819.1	856.4	328.7	321.9	1,391.6	489.4	462.3	1,006.4	403.3	234.7
V3	ko00440	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Fosfonato y Fosfinato	132.6	121.6	36.7	117.1	660.2	36.3	436.7	301.2	438.6	123.5	39.9	46.8	254.5	99.1	93.0	155.3	60.2	37.9
V3	ko00450	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Seleniocompuestos	1,088.8	937.2	269.3	550.9	3,192.0	160.2	1,512.8	1,131.0	1,542.1	1,249.4	477.6	453.9	1,963.3	712.1	696.5	1,481.8	608.4	377.1
V3	ko00460	Metabolismo	Met. Amino-otros	CyanoMet. AminoAcid	0.0	0.0	0.0	346.7	0.0	0.0	0.0	721.1	0.0	1,036.7	418.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00471	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Glutamina y D-Glutamato	2,159.5	1,864.1	505.2	972.9	5,642.3	310.5	2,837.0	2,133.1	2,954.6	2,211.9	862.1	788.0	3,810.7	1,422.2	1,318.7	2,828.5	1,210.6	673.0
V3	ko00472	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Arginina y D-Ornitina	198.3	214.5	64.0	81.0	279.7	8.3	14.0	28.0	48.0	107.7	41.0	55.0	369.0	118.8	126.0	349.5	97.0	103.7
V3	ko00473	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Alanina	1,610.8	1,438.7	398.1	726.0	4,310.7	233.7	1,961.2	1,440.8	2,056.8	1,687.8	639.8	632.4	2,885.7	1,070.4	1,004.3	2,299.5	988.1	583.3
V3	ko00480	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Glutatión	626.8	612.9	187.9	465.1	2,942.6	174.2	1,161.4	868.1	1,198.1	788.1	271.9	302.3	1,296.4	488.9	461.0	832.7	311.8	213.8
V3	ko00500	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Almidón y Sucrosa	899.8	755.5	207.2	341.9	2,004.4	98.0	895.1	694.4	944.7	963.9	378.0	340.5	1,515.2	558.1	538.2	1,259.4	509.6	297.7
V3	ko00510	Metabolismo	Met. Biosin-Glicanos	Metabolismo de N-Glicanos	50.1	33.9	9.0	23.0	90.6	3.7	85.9	64.8	90.6	63.2	25.9	15.6	72.2	27.5	25.4	79.8	35.7	19.6
V3	ko00511	Metabolismo	Met. Biosin-Glicanos	Degradación de otros Glicanos	1,289.1	952.1	286.9	206.6	1,225.9	93.7	806.7	624.7	951.7	1,535.7	660.1	529.1	1,882.7	622.4	624.1	1,872.2	741.4	462.2

V3	ko00520	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de azúcares y otros nucleótidos	1,109.3	974.0	268.8	512.0	3,070.0	152.6	1,245.7	988.0	1,298.9	1,096.7	420.5	390.4	1,881.9	695.8	661.9	1,441.2	602.8	324.4
V3	ko00521	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Síntesis de Estreptomicina	1,547.7	1,196.7	314.7	517.8	2,849.5	145.3	1,722.1	1,293.5	1,754.7	1,800.8	733.8	591.6	2,467.9	863.3	822.6	2,029.4	864.2	470.1
V3	ko00531	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de Glicosaminoglicanos	302.5	225.3	68.8	0.0	228.8	0.0	151.2	130.0	235.3	324.2	138.7	0.0	410.0	118.2	121.3	440.9	175.4	103.9
V3	ko00540	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de lipopolsacáridos	1,297.0	1,187.3	346.7	836.6	4,957.1	262.3	2,346.8	1,671.8	2,400.2	1,549.4	584.3	588.3	2,299.5	848.8	832.0	1,812.8	658.9	486.8
V3	ko00550	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de Peptidoglicanos	1,869.0	1,610.3	446.6	858.6	5,100.7	274.0	2,416.2	1,768.3	2,512.7	1,944.6	748.5	704.6	3,335.2	1,245.6	1,160.7	2,448.5	1,044.4	604.2
V3	ko00561	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Glicerolípidos	440.2	400.6	112.5	243.3	1,424.1	78.1	547.7	442.1	565.0	511.3	189.1	177.8	902.7	345.3	317.7	557.3	246.3	139.1
V3	ko00562	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Inositol-fosfato	231.3	191.9	62.5	147.5	865.5	55.4	392.0	346.1	387.0	285.4	113.9	0.0	414.1	163.3	148.6	276.8	112.4	68.5
V3	ko00564	Metabolismo	Met. Lip	Met. Lip Glicerofosfato	629.7	577.1	165.2	364.2	2,246.1	117.8	917.9	680.0	940.2	703.7	256.2	262.2	1,186.4	450.8	425.1	850.2	359.3	220.8
V3	ko00591	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de ácido Linoleico	354.7	295.0	87.9	131.1	454.7	23.3	160.0	292.4	169.4	478.1	202.5	142.3	521.4	200.7	195.6	466.2	175.6	110.1
V3	ko00600	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Esfingolípidos	371.7	271.8	83.0	74.7	426.4	25.1	139.2	149.5	166.8	469.4	197.6	152.4	590.2	211.9	211.0	506.9	192.4	125.4
V3	ko00620	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Piruvato	1,196.9	1,048.7	299.1	700.1	3,986.3	200.0	1,665.9	1,342.1	1,720.4	1,448.8	545.4	488.6	2,265.2	855.4	810.7	1,514.5	646.7	384.6
V3	ko00621	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Dioxina	0.0	262.4	82.0	224.3	0.0	0.0	0.0	367.4	0.0	383.5	145.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00622	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Xylene degradation	0.0	0.0	0.0	137.9	0.0	0.0	0.0	246.8	0.0	221.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00623	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Toluene degradation	0.0	0.0	0.0	345.0	0.0	0.0	0.0	639.7	0.0	668.6	249.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00624	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Polycyclic aromatic hydrocarbon degradation	0.0	0.0	0.0	26.0	0.0	0.0	0.0	75.0	0.0	22.8	12.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00626	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Naftaleno	0.0	249.2	81.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00627	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Aminobenzoato	137.7	138.3	43.0	119.3	550.6	31.9	117.8	214.4	128.0	230.1	86.6	77.5	268.9	97.3	93.5	232.4	92.9	58.0
V3	ko00630	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Glioxilato y dicarboxilato	807.9	726.0	222.4	459.6	2,698.1	146.0	897.8	750.4	948.7	1,016.1	377.6	364.7	1,495.8	554.5	527.4	1,141.6	445.7	313.7
V3	ko00633	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Nitrotolueno	227.3	228.1	60.5	156.5	827.1	45.0	140.7	226.7	175.3	300.6	101.1	99.2	397.4	175.4	153.8	398.5	184.0	110.3
V3	ko00640	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Propanoato	805.3	725.0	216.2	474.1	2,788.1	148.6	966.5	838.3	1,010.2	1,048.2	388.4	353.4	1,525.6	573.1	539.0	1,051.6	438.3	269.4
V3	ko00643	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Estireno	0.0	0.0	0.0	136.0	0.0	0.0	0.0	339.1	0.0	186.6	71.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00650	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Butanoato	761.7	691.8	208.4	500.6	2,758.8	144.1	990.5	930.0	1,035.5	1,045.4	390.3	350.2	1,426.8	535.0	513.3	1,079.6	448.7	287.5

V3	ko00660	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo C5- Branched dibasic acid	1,789.3	1,527.1	462.0	997.4	5,985.9	317.7	2,104.0	1,705.3	2,158.8	1,997.7	743.5	685.0	3,312.7	1,275.1	1,208.5	2,069.0	827.6	533.5
V3	ko00670	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	One carbon pool by folate	1,811.0	1,527.2	429.3	817.8	4,761.1	255.5	2,234.3	1,665.5	2,318.5	2,071.3	805.1	700.5	3,217.4	1,197.3	1,123.8	2,348.2	987.9	581.4
V3	ko00680	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Metano	531.0	455.2	128.8	262.0	1,501.0	78.9	585.6	482.4	621.0	610.2	232.7	198.9	957.1	367.2	340.8	715.2	303.1	177.7
V3	ko00710	Metabolismo	Met. Energ	Fijación de Carbono en organismos fotosintéticos	1,626.8	1,384.8	380.7	765.7	4,370.8	223.0	2,144.2	1,605.9	2,201.5	1,690.9	656.3	583.3	2,796.4	1,060.8	985.1	2,183.8	947.9	530.6
V3	ko00720	Metabolismo	Met. Energ	Ruta de Fijación de Carbono en procariotas	1,256.4	1,078.3	316.9	664.1	3,879.9	218.1	1,698.4	1,287.7	1,758.5	1,518.3	579.3	513.0	2,198.5	818.4	766.5	1,698.7	703.6	440.7
V3	ko00730	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Tiamina	1,687.9	1,419.2	384.0	652.1	3,612.2	183.4	1,713.1	1,298.3	1,856.3	1,827.3	719.8	637.9	3,042.8	1,112.9	1,055.4	2,313.7	995.3	577.8
V3	ko00740	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Riboflavina	1,003.8	880.7	245.9	465.0	2,799.4	157.4	1,226.6	918.0	1,287.5	1,071.5	404.9	385.5	1,669.7	625.7	590.9	1,393.3	584.9	367.5
V3	ko00750	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Vitamina B6	1,270.2	1,070.9	308.2	565.9	3,489.2	204.2	1,563.9	1,125.7	1,653.8	1,564.6	594.8	561.5	2,207.3	816.9	766.5	1,795.3	729.0	454.0
V3	ko00760	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Nicotina y nicotinamida	1,201.2	1,027.1	284.7	518.3	3,104.9	173.5	1,465.5	1,094.1	1,541.0	1,363.7	525.0	471.2	2,091.0	789.2	727.1	1,683.6	709.2	414.6
V3	ko00770	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Pantotenato y CoA	1,822.7	1,519.9	431.2	786.4	4,645.9	253.1	1,986.3	1,509.5	2,060.2	1,979.1	772.7	690.9	3,259.0	1,200.7	1,123.4	2,339.9	1,001.2	600.8
V3	ko00780	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Biotina	2,056.3	1,755.2	480.7	964.0	5,939.6	356.6	2,625.6	1,990.9	2,666.5	2,306.1	875.1	795.0	3,497.0	1,337.5	1,232.7	2,954.6	1,239.0	756.7
V3	ko00785	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de ácido lipoico	1,041.8	918.8	283.3	812.7	4,753.1	249.7	2,444.6	1,810.2	2,490.2	1,351.7	497.9	464.5	1,873.7	711.4	647.2	1,441.2	564.6	357.3
V3	ko00790	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Folato	1,534.6	1,313.3	374.7	746.4	4,479.0	249.6	2,034.3	1,529.6	2,138.8	1,784.5	676.6	613.7	2,626.8	1,002.5	927.1	2,037.2	854.6	519.7
V3	ko00791	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Atrazine degradation	0.0	0.0	0.0	90.7	0.0	0.0	0.0	76.9	0.0	243.2	83.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00830	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Retinol Metabolismo	0.0	0.0	0.0	62.9	286.2	0.0	0.0	0.0	0.0	163.8	61.6	0.0	129.0	50.1	49.7	0.0	0.0	31.4
V3	ko00860	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Porfirina y clorofila	681.0	585.4	149.8	305.0	1,791.8	92.4	750.2	596.9	801.2	715.3	268.1	242.7	1,255.7	471.1	453.6	973.3	420.2	258.4
V3	ko00900	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de esqueleto Terpenoide	1,321.2	1,151.1	321.8	624.2	3,693.4	193.9	1,581.6	1,199.0	1,655.5	1,467.3	565.8	506.9	2,395.6	899.7	837.7	1,705.2	719.0	421.3
V3	ko00901	Metabolismo	Biosin-Met Sec- otros	Indole alkaloid biosynthesis	0.0	0.0	0.0	5.2	0.0	0.0	0.0	15.0	0.0	3.8	2.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00903	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Limonene and pinene degradation	221.6	209.8	74.3	230.8	1,070.2	0.0	0.0	454.3	0.0	390.4	149.5	102.6	423.0	0.0	153.9	248.0	96.6	0.0
V3	ko00906	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Carotenoides	12.4	8.4	3.9	20.2	80.2	1.5	91.3	61.5	81.5	28.7	11.2	3.1	12.1	5.5	5.9	11.1	2.4	3.7
V3	ko00908	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Zeatina	721.6	594.5	163.0	260.6	1,505.5	91.3	748.4	559.1	799.7	795.8	320.8	280.3	1,201.0	436.9	406.0	1,014.9	434.9	247.2

V3	ko00910	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Nitrógeno	749.2	676.4	201.6	449.6	2,637.4	133.5	943.6	777.8	997.8	896.3	328.7	319.2	1,368.0	517.8	496.6	1,073.3	435.0	289.2
V3	ko00920	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Sulfuros	911.9	790.8	240.5	476.2	2,816.4	139.4	1,286.0	942.7	1,288.4	1,099.2	419.6	404.9	1,641.2	593.3	590.8	1,183.3	463.3	314.4
V3	ko00930	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Caprolactamicos	228.0	214.4	78.0	254.2	1,236.1	59.8	283.5	493.7	303.3	412.3	158.7	141.3	454.9	145.3	153.6	212.6	60.3	53.4
V3	ko00941	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Biosíntesis de Flavonoides	4.2	7.6	1.2	2.6	2.7	0.0	0.0	7.5	0.0	3.5	1.8	0.8	7.2	0.0	4.0	8.6	0.3	0.0
V3	ko00943	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	IsoBiosíntesis de Flavonoides	0.0	0.0	0.0	0.0	1.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko00960	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Biosíntesis alcaloide de Tropano, piperidina y piridina	504.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	851.2	321.3	0.0	683.5	0.0	0.0
V3	ko00970	Proc.Inf.Gen	Translación	Biosíntesis Aminoacil t-RNA	1,663.3	1,441.2	397.1	792.2	4,647.8	244.2	2,134.4	1,586.2	2,240.7	1,789.2	686.3	615.8	3,052.0	1,148.8	1,069.5	2,202.5	939.0	542.1
V3	ko00983	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Metabolismo de drogas y otras enzimas	1,330.1	1,112.6	301.8	608.7	3,553.7	181.1	1,667.7	1,266.1	1,733.6	1,494.5	575.9	491.3	2,255.6	849.7	805.5	1,877.1	812.5	461.1
V3	ko01040	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos grasos insaturados	468.3	418.0	130.1	289.5	1,743.0	100.7	575.6	484.5	594.4	632.8	233.4	222.5	928.8	341.1	322.8	544.2	204.7	138.3
V3	ko01051	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de ansamicina	3,885.3	3,372.6	851.7	1,356.4	7,671.9	398.5	3,772.6	2,990.4	3,893.2	3,005.4	1,188.7	1,052.9	6,280.2	2,500.3	2,198.3	4,872.8	2,005.7	972.2
V3	ko01053	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de péptidos sideróforos no-ribosomales	119.6	116.5	38.9	78.5	486.1	24.9	110.3	125.2	118.6	163.4	58.1	69.3	191.6	66.4	73.0	236.4	82.3	68.1
V3	ko01055	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de vancomicina	2,263.5	1,819.3	439.8	943.9	5,346.9	276.2	2,861.6	2,110.7	2,885.2	2,346.2	935.3	793.0	3,804.8	1,285.2	1,247.8	2,809.2	1,227.6	652.7
V3	ko02010	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Transportadores ABC	672.3	626.3	177.4	455.3	2,749.3	136.9	911.0	770.6	944.5	792.3	282.0	278.5	1,392.2	543.0	520.5	929.3	372.3	241.2
V3	ko02020	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	Sistema de dos componentes	413.3	381.2	109.3	212.5	1,425.2	72.6	317.3	259.1	357.9	496.2	173.4	197.5	788.3	289.6	280.9	594.0	254.9	165.6
V3	ko02030	Procesamiento celular	Motilidad celular	Quimiotaxis Bacteriana	1,320.7	1,044.9	250.7	555.2	3,429.4	127.6	639.3	580.7	735.3	1,209.1	440.3	418.6	2,166.5	762.7	749.9	1,310.9	702.6	399.8
V3	ko02040	Procesamiento celular	Motilidad celular	Ensamblaje flagelar	897.0	754.7	185.1	279.1	1,728.2	66.1	118.1	118.3	192.2	715.6	252.6	303.2	1,329.0	417.6	420.9	970.9	506.4	309.6

V3	ko02060	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema fosfotransferasa (PTS)	707.9	763.0	202.9	331.1	2,174.3	96.2	615.4	496.6	616.0	525.2	179.7	230.9	1,049.7	427.3	383.6	1,010.0	399.7	167.3
V3	ko03008	Proc.Inf.Gen	Traducción	Biogénesis de Ribosomas en eucariotes	67.9	61.0	17.8	50.4	308.0	13.6	107.8	79.8	115.8	108.6	39.3	29.3	133.5	54.3	51.5	101.8	34.8	25.2
V3	ko03010	Proc.Inf.Gen	Traducción	Ribosoma	1,623.9	1,394.7	387.4	767.9	4,470.2	232.3	2,147.0	1,588.2	2,248.3	1,753.2	676.2	604.6	2,900.5	1,088.0	1,014.4	2,161.7	917.6	532.2
V3	ko03013	Proc.Inf.Gen	Traducción	Transporte de RNA	64.1	54.3	14.8	37.7	226.5	9.8	77.5	56.4	85.1	98.4	36.2	24.5	121.7	50.2	47.3	93.2	36.0	24.4
V3	ko03015	Proc.Inf.Gen	Traducción	Ruta de vigilancia de mRNA	0.0	0.0	0.0	2.7	15.3	0.0	0.0	0.0	1.3	8.1	2.7	0.0	1.6	1.7	1.7	4.0	0.0	1.1
V3	ko03018	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Degradació de RNA	674.1	579.2	161.2	332.7	1,946.4	105.7	899.4	673.6	933.9	755.3	291.9	268.4	1,216.7	447.0	419.3	893.7	372.4	220.3
V3	ko03020	Proc.Inf.Gen	Transcription	RNA polimerasa	995.1	782.5	208.8	344.9	1,951.1	100.2	981.4	742.3	1,026.9	1,009.1	405.0	335.0	1,639.7	605.1	558.9	1,225.2	542.8	293.8
V3	ko03022	Proc.Inf.Gen	Transcription	Factores de transcripción basal	0.0	0.0	0.0	30.7	174.9	0.0	0.0	0.0	5.2	93.1	31.0	0.0	18.3	19.7	19.7	16.6	0.0	12.4
V3	ko03030	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Replicación de DNA	1,232.8	1,069.2	297.0	616.5	3,554.3	184.2	1,719.9	1,265.2	1,772.5	1,362.5	525.3	476.0	2,215.9	822.8	773.2	1,641.5	691.1	408.2
V3	ko03050	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Proteasoma	3.0	1.4	1.5	12.3	55.0	0.0	0.0	9.4	2.8	31.9	11.4	1.0	7.4	5.8	6.5	10.6	0.4	3.7

V3	ko03060	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Exportación de proteínas	1,552.9	1,336.0	380.5	771.8	4,553.0	244.6	2,089.3	1,542.8	2,178.3	1,719.7	658.2	601.1	2,848.7	1,062.7	1,000.9	2,011.5	841.3	508.0
V3	ko03070	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema bacteriano de excreción	892.0	786.9	227.3	475.6	2,905.0	153.7	1,105.5	813.5	1,172.6	1,064.3	395.0	406.5	1,722.0	614.6	605.8	1,209.0	481.2	320.4
V3	ko03410	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de bases	918.8	813.0	230.3	511.9	2,918.9	141.0	1,312.9	1,014.0	1,366.0	1,042.8	394.8	359.6	1,677.1	629.3	598.2	1,217.9	496.0	299.5
V3	ko03420	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de nucleótidos	742.2	629.0	171.2	353.6	1,951.1	91.3	935.3	715.7	983.2	825.4	319.3	268.0	1,325.4	503.3	467.1	992.5	442.2	253.5
V3	ko03430	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Mismatch repair	1,648.4	1,430.0	394.9	800.0	4,676.9	246.8	2,209.4	1,639.5	2,280.5	1,751.0	675.0	618.7	2,952.7	1,108.5	1,034.6	2,170.0	940.1	539.2
V3	ko03440	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Recombinación homóloga	1,541.0	1,337.9	375.3	753.8	4,468.3	238.3	2,119.7	1,556.7	2,182.9	1,658.4	639.0	598.0	2,783.0	1,041.0	970.9	2,028.7	853.3	497.3
V3	ko03450	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Non-homologous end-joining	23.7	22.2	7.6	14.0	27.0	0.0	0.0	30.0	0.0	21.8	9.5	1.6	12.5	7.3	4.7	29.2	8.2	0.0
V3	ko04080	Proc.Inf.Amb	Mol. Señal. Interacc	Neuroactive ligand-receptor interaction	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
V3	ko04112	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Cell cycle - Caulobacter	1,523.3	1,293.8	352.7	683.9	4,023.5	210.4	1,909.0	1,418.2	1,995.9	1,634.5	634.0	581.1	2,783.4	1,036.9	961.2	1,992.2	869.8	491.2
V3	ko04113	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Meiosis - yeast	0.0	0.0	0.0	3.8	0.0	0.0	0.0	10.8	0.0	4.6	2.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V3	ko04122	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Sulfur relay system	1,255.3	1,127.7	327.6	765.6	4,724.1	244.6	1,595.9	1,296.8	1,693.9	1,404.7	512.5	477.7	2,384.1	930.8	883.0	1,599.5	655.8	416.2

V3	ko05150	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Infección por Staphylococcus aureus	4.2	9.2	1.8	9.7	51.3	3.6	21.6	16.2	23.4	33.7	12.4	13.0	47.5	13.2	15.4	10.1	5.4	2.1
V4	ko00010	Metabolismo	Met. Carb	Glicólisis/Gluconeogénesis	806.7	1,838.4	499.1	586.8	5,887.9	852.6	3,691.2	1,461.8	2,423.4	2,506.5	758.6	681.4	1,906.1	772.2	1,049.6	1,770.8	492.8	738.0
V4	ko00020	Metabolismo	Met. Carb	Ciclo de citrato (TCA)	670.7	1,590.8	370.1	556.7	6,748.8	937.4	4,025.7	1,596.4	2,652.0	1,652.1	425.4	509.8	1,563.9	579.8	781.3	1,194.3	306.8	480.4
V4	ko00030	Metabolismo	Met. Carb	Ruta Pentosa Fosfato	1,052.8	2,545.0	659.4	717.1	7,484.5	1,099.0	5,058.8	1,991.4	3,228.8	3,269.8	971.0	917.7	2,703.3	1,101.5	1,450.1	2,471.5	644.3	966.7
V4	ko00040	Metabolismo	Met. Carb	Interconversión de Pentosa y Glucoronato	411.4	985.3	234.1	265.0	2,970.2	384.1	1,463.1	571.2	922.1	1,175.7	348.0	322.3	1,044.6	426.1	617.6	843.5	257.6	395.4
V4	ko00051	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismos de Fructuosa y Manosa	644.4	1,438.4	401.4	463.9	4,510.1	674.5	2,997.1	1,198.3	1,911.9	2,024.7	646.7	577.3	1,648.2	690.5	963.9	1,554.3	455.2	665.7
V4	ko00052	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Galactosa	713.5	1,599.2	468.3	323.2	3,241.4	492.2	2,116.4	830.0	1,437.3	2,325.7	750.4	647.1	1,705.2	726.3	999.9	1,947.4	546.1	806.2
V4	ko00053	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Ascorbato y Aldarato	352.0	701.4	232.2	263.9	2,971.0	429.6	1,637.0	673.0	969.2	1,114.5	289.6	354.1	902.7	377.9	542.8	811.2	260.4	375.6
V4	ko00061	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos grasos	1,273.8	2,955.6	807.5	937.2	9,735.0	1,430.2	6,280.6	2,500.5	4,083.3	3,713.8	1,125.3	990.1	2,877.6	1,154.2	1,493.7	2,428.5	633.3	959.4
V4	ko00071	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Ácidos grasos	386.4	809.4	221.7	286.1	3,570.6	459.0	1,358.4	533.8	927.6	944.9	242.8	267.4	721.5	270.9	388.7	570.9	182.9	272.1
V4	ko00072	Metabolismo	Met. Lip	Síntesis y degradación de cuerpos cetónicos	623.3	1,325.3	368.4	440.7	5,390.4	712.6	2,380.2	922.4	1,740.3	1,515.8	398.5	378.9	819.9	280.2	397.6	697.7	200.2	273.3
V4	ko00100	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Esteroides	11.9	17.5	6.3	6.3	118.5	11.4	2.0	1.6	2.1	9.5	1.7	3.8	8.1	1.9	1.8	4.4	0.0	1.5
V4	ko00120	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos biliares primarios	25.3	68.6	4.9	17.3	57.6	3.9	15.3	4.1	7.7	84.5	50.6	8.3	72.2	33.4	40.1	43.4	7.7	15.2
V4	ko00121	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos biliares secundarios	227.6	617.1	44.4	155.8	518.2	34.9	137.6	36.8	69.0	760.2	455.6	75.1	649.7	300.3	361.0	390.3	69.7	136.5
V4	ko00130	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de ubiquinona y otros quinona-terpenoides	444.8	954.5	233.5	539.9	5,991.7	843.8	3,506.9	1,439.8	2,050.0	1,237.3	276.3	405.3	1,255.6	502.1	674.3	484.9	172.6	275.0
V4	ko00140	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de hormonas esteroidales	24.8	43.8	9.0	18.1	179.2	16.7	2.8	1.9	2.4	54.7	21.9	11.4	36.3	14.7	24.0	26.9	10.1	14.7
V4	ko00190	Metabolismo	Met. Energ	Fosforilación oxidativa	308.8	749.8	172.8	207.1	2,585.3	355.4	1,395.4	549.0	929.5	773.5	184.1	229.9	691.9	252.9	345.5	514.9	135.5	205.8
V4	ko00195	Metabolismo	Met. Energ	Photosynthesis	0.0	0.0	0.0	0.0	2,585.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V4	ko00230	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Purinas	647.3	1,519.2	389.7	462.7	4,924.9	717.4	3,053.4	1,211.8	1,978.6	1,890.2	537.4	542.1	1,539.8	619.5	819.7	1,345.9	368.8	547.2
V4	ko00240	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Pirimidina	847.6	2,017.8	519.5	570.6	5,954.2	883.9	3,969.9	1,563.5	2,622.5	2,482.6	748.4	699.3	1,959.5	793.5	1,028.7	1,845.6	486.3	721.9

V4	ko00250	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Alanino, Aspartato y Glutamato	985.0	2,402.2	579.3	617.8	6,955.3	991.2	4,078.1	1,599.8	2,714.7	2,682.0	786.9	751.3	2,314.6	904.8	1,198.1	1,969.5	519.2	776.9
V4	ko00253	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de tetraciclina	583.0	1,325.5	376.9	0.0	4,427.8	0.0	2,855.3	0.0	0.0	1,630.5	0.0	0.0	1,282.0	521.4	677.0	994.5	269.0	396.2
V4	ko00260	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Gliina, Serina y Treonina	835.0	1,967.8	489.7	581.2	6,621.1	942.0	3,965.7	1,578.3	2,572.8	2,205.5	580.2	643.6	1,894.0	738.5	977.9	1,503.0	405.2	613.1
V4	ko00270	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de GCisteína y Metionina	883.9	2,095.3	548.6	554.9	5,907.4	862.3	3,600.4	1,435.4	2,289.9	2,630.8	735.9	743.7	2,064.2	828.6	1,093.1	1,788.0	484.5	719.3
V4	ko00280	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Valina, Leucina e Isoleucina	387.4	843.9	223.0	273.5	3,610.5	479.7	1,717.5	659.1	1,258.9	836.8	229.7	231.0	600.1	215.6	293.4	538.3	150.1	230.5
V4	ko00281	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Degradación de Geraniol	297.6	523.1	156.2	201.8	3,159.4	379.9	0.0	0.0	646.5	577.7	101.0	173.3	459.0	146.5	222.1	299.6	114.7	0.0
V4	ko00290	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Valina, Leucina e Isoleucina	1,526.8	3,645.6	928.9	1,063.9	11,364.2	1,664.1	7,163.5	2,868.0	4,514.5	4,441.3	1,193.6	1,263.2	3,674.1	1,448.7	1,882.4	2,874.5	751.7	1,133.7
V4	ko00300	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Lisina	1,021.2	2,473.2	619.7	685.6	7,435.3	1,078.1	4,790.6	1,905.8	3,110.6	2,881.5	836.5	809.6	2,389.6	955.8	1,213.9	2,008.5	508.1	766.7
V4	ko00310	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Lisina	213.0	447.9	124.7	144.8	1,991.0	254.5	878.1	339.9	601.6	479.2	113.9	144.2	400.6	150.8	208.8	330.9	104.9	160.5
V4	ko00311	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Degradación de Penicilina y cefalosporina	130.3	220.2	99.9	70.8	371.2	61.7	0.0	0.0	105.8	585.5	207.4	141.9	235.2	103.6	151.2	391.8	120.5	170.2
V4	ko00312	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	WNT3	172.3	404.2	112.8	0.0	494.5	0.0	279.1	98.4	193.2	687.7	233.1	158.3	575.1	258.9	341.6	517.7	145.3	225.9
V4	ko00330	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Arginina y Prolina	483.1	1,146.4	275.8	360.6	4,015.2	563.5	2,193.8	876.3	1,394.4	1,303.0	336.9	369.9	1,170.6	459.0	616.8	843.2	237.4	356.7
V4	ko00340	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Histidina	651.0	1,667.7	355.0	562.5	6,405.1	907.9	4,221.2	1,676.2	2,796.7	1,464.5	397.6	402.5	1,509.3	573.6	714.5	885.1	201.7	326.8
V4	ko00350	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Tirosina	254.3	543.4	151.2	209.8	2,311.2	299.7	1,044.8	418.9	665.8	699.3	204.3	185.6	514.5	202.5	281.3	382.3	116.5	182.8
V4	ko00360	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Fenilalanina	200.6	484.1	107.7	169.3	2,208.5	288.8	924.5	368.1	589.0	484.3	84.3	157.0	524.8	191.5	292.4	299.5	107.1	161.7
V4	ko00361	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Clorociclohexano y clorobenceno	34.2	84.3	17.7	33.2	276.2	31.8	15.1	4.6	9.5	130.4	34.9	30.9	95.1	39.4	67.6	69.5	34.1	44.5
V4	ko00362	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Benzoato	174.1	367.0	105.3	140.0	1,398.6	177.3	487.9	188.1	340.8	545.5	156.3	124.2	366.6	140.3	201.0	289.0	93.7	141.2
V4	ko00364	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	FluoroDegradación de Benzoato	31.2	64.3	22.8	0.0	479.6	0.0	0.0	0.0	0.0	187.6	0.0	0.0	158.0	56.3	89.6	85.0	43.7	0.0

V4	ko00380	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Triptófano	223.0	476.9	128.2	166.4	2,266.0	283.8	933.8	361.6	648.3	469.0	107.7	135.9	387.8	140.9	197.1	292.0	88.5	140.1
V4	ko00400	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de tirosina y Triptófano	881.7	2,077.7	536.4	606.7	6,589.6	966.8	4,185.2	1,675.1	2,676.3	2,509.8	684.1	717.9	2,054.4	808.1	1,052.0	1,667.5	428.8	644.0
V4	ko00410	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Beta-Alanina	332.0	753.1	185.0	0.0	2,902.1	0.0	0.0	0.0	678.0	771.7	0.0	234.1	790.4	287.7	416.5	691.4	215.0	320.5
V4	ko00430	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Taurina e Hipotaurina	519.3	1,174.0	336.6	340.4	3,449.9	490.4	1,712.5	675.3	1,125.0	1,721.0	505.4	476.4	1,250.5	508.8	700.9	1,274.0	368.7	535.6
V4	ko00440	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Fosfonato y Fosfinato	146.6	316.1	87.1	125.4	1,429.5	187.5	848.3	340.8	530.7	381.1	124.6	105.3	331.2	143.2	192.5	239.2	68.1	119.7
V4	ko00450	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Seleniocompuestos	726.5	1,766.3	440.1	504.2	5,561.8	798.3	3,556.2	1,401.7	2,309.3	2,066.3	585.3	593.6	1,695.8	682.7	931.1	1,440.2	410.0	622.5
V4	ko00460	Metabolismo	Met. Amino-otros	CyanoMet. AminoAcid	470.2	1,105.3	281.6	0.0	3,140.0	0.0	1,617.2	0.0	0.0	1,184.5	0.0	0.0	1,007.2	411.3	556.0	892.2	241.7	374.2
V4	ko00471	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Glutamina y D-Glutamato	1,493.5	3,618.0	912.0	978.8	10,575.4	1,564.9	7,127.0	2,805.3	4,723.4	4,213.2	1,253.1	1,200.1	3,400.5	1,364.3	1,729.1	3,161.5	804.1	1,190.5
V4	ko00472	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Arginina y D-Ornitina	2.6	4.8	2.4	6.8	184.2	16.4	80.6	30.8	58.0	51.4	19.6	17.8	28.2	18.0	27.0	13.0	1.2	4.2
V4	ko00473	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Alanina	1,197.4	2,794.4	754.8	787.5	8,172.4	1,200.1	5,102.2	2,008.1	3,415.6	3,728.5	1,105.6	1,052.8	2,791.6	1,130.0	1,503.8	2,782.9	764.7	1,122.2
V4	ko00480	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Glutatión	561.9	1,121.2	344.8	483.3	5,663.5	758.5	2,639.1	1,067.3	1,615.4	1,587.5	385.5	484.1	1,327.2	537.0	755.6	1,056.0	335.8	507.1
V4	ko00500	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Almidón y Sucrosa	568.3	1,353.8	346.3	349.3	3,570.3	508.1	2,144.8	843.0	1,380.1	1,703.1	511.7	461.7	1,464.7	603.9	833.9	1,332.5	377.8	562.3
V4	ko00510	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Metabolismo de N-Glicanos	16.5	54.5	8.4	7.3	123.7	20.2	133.0	47.5	114.1	46.1	21.8	12.9	38.7	9.6	9.2	47.5	8.6	14.2
V4	ko00511	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de otros Glicanos	940.2	2,079.3	559.5	290.7	2,621.9	364.6	1,838.0	646.1	1,415.7	2,799.5	1,081.9	704.4	1,628.4	717.9	993.7	2,683.2	684.1	1,066.3
V4	ko00520	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de azúcares y otros azúcares nucleótidos	717.4	1,649.3	444.2	503.6	5,115.1	755.2	3,408.9	1,361.6	2,193.7	2,191.9	656.4	622.1	1,735.1	721.0	967.4	1,599.7	444.4	660.6
V4	ko00521	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Síntesis de Estreptomina	709.0	1,888.0	409.9	428.7	4,442.1	658.5	3,523.7	1,333.3	2,572.3	2,080.6	702.4	521.4	1,743.9	694.2	886.4	1,682.6	405.7	628.1
V4	ko00531	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de Glcosaminoglicanos	231.0	568.4	102.8	63.9	778.0	88.4	478.6	0.0	0.0	491.3	222.2	121.1	332.2	134.6	208.3	551.2	135.7	228.9
V4	ko00540	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de lipopolsacáridos	700.7	1,506.5	371.4	729.1	9,086.3	1,264.2	5,531.7	2,227.3	3,409.9	1,416.2	347.6	504.8	1,708.5	715.8	923.2	971.9	284.1	464.0
V4	ko00550	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de Peptidoglicanos	1,265.0	3,061.9	782.3	862.6	9,559.3	1,386.1	6,006.6	2,375.1	3,921.9	3,574.1	1,109.7	1,013.8	2,942.6	1,171.1	1,500.0	2,685.5	709.0	1,037.8

V4	ko00561	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Glicerolipidos	356.7	782.9	227.5	234.2	2,600.3	363.6	1,268.4	517.5	780.4	1,119.4	297.2	325.3	862.8	340.5	458.8	742.3	211.1	307.7
V4	ko00562	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Inositol-fosfato	130.9	292.3	82.2	92.5	1,216.1	150.5	559.8	222.1	346.9	437.7	110.6	128.8	323.9	133.1	180.0	263.7	69.4	119.7
V4	ko00564	Metabolismo	Met. Lip	Met. Lip Glicerofosfato	443.2	1,005.6	265.5	362.2	4,076.0	571.4	2,212.5	893.1	1,359.0	1,317.0	329.0	396.7	1,189.7	474.4	641.0	874.9	259.3	382.9
V4	ko00591	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de ácido Linoleico	130.5	296.1	58.4	106.3	694.6	74.8	220.6	84.8	154.7	366.9	168.3	39.8	200.7	80.6	106.3	132.3	25.4	50.6
V4	ko00600	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Esfingolipidos	237.8	523.7	147.3	63.8	842.6	110.7	445.2	166.5	331.1	668.7	232.2	183.3	513.8	230.2	308.7	643.9	0.0	266.6
V4	ko00620	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Piruvato	862.1	1,980.8	529.8	661.6	7,127.9	1,028.6	4,425.2	1,780.4	2,805.5	2,502.4	692.9	714.6	2,043.6	826.9	1,092.9	1,636.5	455.0	675.0
V4	ko00621	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Dioxina	269.1	505.5	170.7	195.7	1,724.9	253.2	794.9	330.2	483.8	853.2	239.0	255.0	716.1	299.3	481.2	693.0	256.9	356.1
V4	ko00626	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Naftaleno	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	655.0	267.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	256.0
V4	ko00627	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Aminobenzoato	124.7	232.1	76.4	109.6	939.7	105.4	263.6	100.2	194.8	438.4	163.7	93.3	243.8	102.6	141.6	282.8	84.4	134.2
V4	ko00630	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Glioxilato y dicarboxilato	487.6	1,134.4	270.9	384.1	4,648.4	633.0	2,084.4	836.9	1,273.2	1,251.8	274.0	394.5	1,311.7	506.3	730.3	848.9	282.1	407.4
V4	ko00633	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Nitrotolueno	132.5	319.6	77.1	73.1	1,140.0	116.3	33.2	14.2	15.8	213.8	30.0	84.4	328.0	131.7	223.0	302.5	117.9	160.3
V4	ko00640	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Propanoato	556.4	1,265.9	328.7	398.8	4,475.3	621.3	2,248.2	888.2	1,505.3	1,502.5	401.1	427.2	1,178.7	451.7	625.9	1,025.9	298.0	435.6
V4	ko00643	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Estireno	121.8	249.7	73.0	97.8	1,417.4	168.5	0.0	0.0	0.0	250.9	53.2	60.2	123.2	44.5	47.1	46.8	11.8	0.0
V4	ko00650	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Butanoato	570.4	1,233.6	334.9	431.2	4,836.8	656.1	2,540.3	1,003.2	1,696.1	1,520.8	430.0	427.6	1,249.6	491.1	694.0	1,084.7	321.0	483.6
V4	ko00660	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo C5- Branched dibasic acid	1,197.9	2,830.0	693.8	980.9	10,983.8	1,574.7	6,649.6	2,706.9	3,984.9	3,452.4	889.3	1,020.5	3,134.8	1,200.6	1,582.5	1,925.1	526.2	813.2
V4	ko00670	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	One carbon pool by folate	1,207.3	2,844.6	719.9	832.8	9,230.6	1,350.9	5,926.8	2,348.8	3,884.6	3,301.9	950.1	952.1	2,726.1	1,083.0	1,394.7	2,395.8	607.7	909.9
V4	ko00680	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Metano	320.6	775.2	188.8	229.2	2,554.7	360.5	1,538.3	609.2	997.9	808.8	234.2	235.0	757.0	310.4	410.4	632.4	175.4	258.1
V4	ko00710	Metabolismo	Met. Energ	Fijación de Carbono en organismos fotosintéticos	982.9	2,435.6	592.9	686.7	7,797.7	1,147.0	5,359.2	2,111.5	3,486.8	2,681.6	763.1	791.9	2,397.7	958.7	1,248.3	2,076.7	539.1	810.6
V4	ko00720	Metabolismo	Met. Energ	Ruta de Fijación de Carbono en procariotas	764.5	1,845.2	433.5	562.1	6,608.7	919.4	3,813.4	1,506.4	2,543.3	1,962.8	535.8	576.0	1,730.8	643.1	856.9	1,473.7	375.4	565.8
V4	ko00730	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Tiamina	1,101.7	2,661.0	700.3	568.0	6,118.5	892.8	3,562.5	1,378.3	2,382.5	3,262.9	956.2	892.9	2,505.0	973.6	1,283.1	2,583.9	687.4	1,001.6
V4	ko00740	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Riboflavina	621.1	1,488.2	379.9	394.6	4,597.2	646.5	2,523.4	973.9	1,708.2	1,706.5	496.8	489.0	1,559.5	590.9	785.3	1,480.7	400.7	593.7
V4	ko00750	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Vitamina B6	824.6	1,921.7	487.4	558.2	6,635.4	906.1	3,905.5	1,527.8	2,644.0	2,152.4	617.6	635.6	1,777.7	721.3	968.1	1,652.8	444.9	677.8

V4	ko00760	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Nicotina y nicotinamida	778.6	1,903.8	464.2	500.8	5,759.2	810.4	3,509.1	1,346.4	2,460.1	2,110.0	650.5	596.1	1,778.6	691.0	905.7	1,752.2	457.5	689.4
V4	ko00770	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Pantotenato y CoA	1,105.1	2,690.6	670.6	750.1	8,467.6	1,219.2	5,236.1	2,067.3	3,403.0	3,194.1	891.0	907.9	2,747.3	1,059.0	1,388.3	2,301.5	593.1	894.7
V4	ko00780	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Biotina	1,057.9	2,525.7	592.3	868.3	10,574.3	1,465.5	6,446.6	2,526.9	4,215.4	2,474.7	733.2	762.5	2,587.4	997.4	1,315.3	2,051.8	556.5	878.6
V4	ko00785	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de ácido lipoico	858.2	1,993.6	489.3	727.5	9,501.3	1,289.5	6,065.9	2,398.0	3,929.7	2,217.7	591.8	667.5	1,778.3	740.5	953.6	1,615.3	435.6	672.7
V4	ko00790	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Folato	1,028.7	2,358.1	612.5	776.6	9,166.3	1,282.5	5,622.8	2,221.9	3,721.5	2,655.2	803.5	794.8	2,342.6	925.9	1,201.0	2,054.3	532.2	823.4
V4	ko00860	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Porfirina y clorofila	352.0	980.3	212.8	268.5	3,319.2	493.5	2,310.2	895.4	1,611.0	976.1	238.2	289.9	1,064.8	386.1	483.5	829.7	207.9	317.9
V4	ko00900	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de esqueleto Terpenoide	858.3	2,082.5	518.0	603.2	6,491.7	934.8	3,935.7	1,549.1	2,601.2	2,471.4	735.5	679.1	2,016.5	794.9	1,020.8	1,791.0	456.3	679.9
V4	ko00906	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Carotenoides	8.9	24.2	5.1	5.9	91.9	13.9	114.6	43.6	83.8	1.5	0.5	0.6	0.9	0.0	0.1	0.6	0.0	0.0
V4	ko00908	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Zeatina	406.6	1,006.0	242.0	261.5	2,859.8	419.7	1,950.0	749.3	1,365.0	1,113.2	385.5	308.8	913.9	364.3	463.8	980.9	241.7	369.1
V4	ko00910	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Nitrógeno	450.1	1,032.9	262.4	388.1	4,388.3	617.3	2,330.8	939.1	1,410.8	1,235.7	304.3	381.1	1,235.8	500.8	698.5	841.0	272.7	400.4
V4	ko00920	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Sulfuros	629.5	1,420.9	373.9	448.1	4,954.2	693.9	2,729.8	1,103.7	1,676.3	1,711.1	453.6	495.1	1,435.8	592.9	813.7	1,039.1	315.4	477.1
V4	ko00930	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Caprolactámicos	86.6	145.7	56.7	72.7	1,341.8	132.6	26.0	0.0	18.9	302.5	33.3	88.6	247.0	86.3	129.1	115.4	56.0	97.1
V4	ko00941	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Biosíntesis de Flavonoides	0.0	0.0	0.0	4.5	28.5	8.8	90.0	36.8	72.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V4	ko00960	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Biosíntesis alcaloide de Tropano, piperidina y piridina	0.0	0.0	0.0	0.0	2,749.7	0.0	0.0	0.0	0.0	711.6	0.0	0.0	735.0	0.0	397.5	453.6	0.0	0.0
V4	ko00970	Proc.Inf.Gen	Translación	Biosíntesis Aminoacil t-RNA	1,140.6	2,745.0	694.3	772.4	8,296.9	1,228.0	5,358.6	2,119.5	3,513.8	3,349.8	961.3	955.0	2,682.7	1,057.6	1,347.4	2,420.9	615.2	913.3
V4	ko00983	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Metabolismo de drogas y otras enzimas	940.0	2,283.4	568.2	632.6	6,548.6	977.5	4,758.4	1,858.8	3,170.1	2,666.8	828.2	756.6	2,122.0	876.0	1,159.0	2,102.1	558.0	826.7
V4	ko01040	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos grasos insaturados	328.2	709.1	197.6	236.2	2,929.2	367.5	1,185.6	469.9	798.1	839.2	233.2	232.2	680.2	261.8	356.7	504.3	146.1	232.6
V4	ko01051	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de ansamicina	2,875.3	7,280.4	1,939.5	1,254.8	14,259.3	2,167.9	9,254.5	3,570.8	6,195.9	8,446.1	2,417.6	2,399.6	6,631.3	2,658.8	3,497.1	7,144.2	1,783.6	2,613.0
V4	ko01053	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de péptidos sideróforos no-ribosomales	68.5	153.0	34.0	69.9	813.7	100.3	351.8	140.6	217.1	170.9	41.3	60.2	237.0	99.4	157.8	135.0	66.0	99.6

V4	ko01055	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de vancomicina	898.5	2,522.9	472.0	906.8	8,794.8	1,417.4	7,974.0	3,147.3	5,411.3	2,692.0	772.1	734.8	2,800.0	1,064.0	1,319.1	1,844.2	435.5	663.2
V4	ko02010	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Transportadores ABC	539.7	1,220.6	337.7	429.7	4,813.5	664.6	2,500.0	1,016.5	1,467.7	1,727.9	409.6	520.5	1,532.6	622.9	848.2	1,126.6	341.8	518.4
V4	ko02020	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	Sistema de dos componentes	272.7	639.1	169.1	180.5	2,192.6	291.4	729.3	290.5	439.1	871.0	183.3	264.8	830.3	316.3	464.5	639.1	209.2	308.4
V4	ko02030	Procesamien to celular	Motilidad celular	Quimiotaxis Bacteriana	408.5	1,495.5	253.9	314.8	3,857.1	588.9	1,665.8	658.3	862.5	2,130.0	263.2	584.7	2,290.8	777.8	980.4	1,236.7	267.6	414.1
V4	ko02040	Procesamien to celular	Motilidad celular	Ensamblaje flagelar	282.4	1,109.7	163.4	112.0	1,715.5	250.0	218.6	56.7	96.4	1,452.8	165.6	406.3	1,633.2	535.5	715.4	1,026.5	248.9	378.0
V4	ko02060	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema fosfotransferasa (PTS)	549.8	1,022.4	403.3	346.6	3,130.0	486.2	2,003.4	826.8	1,244.4	2,085.5	635.6	608.3	1,348.2	589.9	862.3	1,595.0	490.3	705.3
V4	ko03008	Proc.Inf.Gen	Traducción	Biogénesis de Ribosomas en eucariotes	49.4	113.3	29.4	39.3	454.4	64.0	258.1	104.1	158.2	139.2	34.3	42.7	120.5	48.7	62.5	87.1	23.9	36.4
V4	ko03010	Proc.Inf.Gen	Traducción	Ribosoma	1,119.1	2,706.5	681.2	752.9	8,110.2	1,202.6	5,400.7	2,129.3	3,561.1	3,157.3	928.1	903.9	2,565.2	1,029.9	1,307.8	2,356.6	603.2	893.0
V4	ko03013	Proc.Inf.Gen	Traducción	Transporte de RNA	43.9	97.4	26.9	33.1	330.9	48.5	215.5	85.0	143.2	121.3	41.1	32.8	100.2	41.5	54.7	94.2	26.0	38.3
V4	ko03018	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Degradació de RNA	432.8	1,022.6	259.4	322.1	3,493.4	507.5	2,216.9	877.5	1,438.3	1,202.1	349.5	344.9	1,003.6	401.9	517.9	858.4	228.2	340.3
V4	ko03020	Proc.Inf.Gen	Transcription	RNA polimerasa	555.1	1,551.6	330.5	297.6	3,396.0	515.6	2,425.3	931.2	1,654.7	1,430.3	397.5	392.1	1,385.1	531.0	656.9	1,146.5	269.2	394.3

V4	ko03030	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Replicación de DNA	888.0	2,126.0	540.7	615.5	6,614.0	981.0	4,391.0	1,740.0	2,861.4	2,502.0	726.3	723.1	2,047.1	833.1	1,073.1	1,791.9	474.5	703.0
V4	ko03050	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Proteasoma	1.3	5.7	0.2	0.1	3.6	0.3	0.5	0.0	0.0	7.1	0.0	2.8	0.8	0.4	0.6	0.3	0.0	0.0
V4	ko03060	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Exportación de proteínas	1,028.5	2,458.9	617.1	753.7	8,266.9	1,216.4	5,396.0	2,148.6	3,513.5	2,820.0	776.1	823.4	2,418.0	960.1	1,228.1	1,954.4	512.5	763.6
V4	ko03070	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema bacteriano de excreción	612.2	1,448.3	371.0	425.7	4,767.6	689.5	2,654.4	1,050.6	1,725.8	1,727.4	439.1	518.8	1,542.9	613.1	850.4	1,264.3	386.3	559.1
V4	ko03410	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de bases	645.7	1,518.4	398.7	481.5	5,206.4	769.2	3,351.9	1,334.5	2,163.2	1,957.4	528.9	568.9	1,623.2	647.6	839.1	1,367.2	373.5	550.4
V4	ko03420	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de nucleótidos	480.3	1,207.0	291.0	318.9	3,480.5	519.5	2,345.5	920.3	1,546.0	1,387.4	397.4	395.7	1,169.3	463.4	583.4	1,033.6	261.3	385.5
V4	ko03430	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Mismatch repair	1,180.7	2,830.5	725.3	803.3	8,681.8	1,277.7	5,573.4	2,212.2	3,601.8	3,356.4	967.1	968.0	2,782.1	1,132.5	1,457.4	2,445.5	652.0	963.6
V4	ko03440	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Recombinación homóloga	1,095.1	2,607.9	659.0	763.3	8,359.0	1,221.3	5,362.5	2,128.8	3,473.4	3,009.3	874.0	877.7	2,540.6	1,033.3	1,329.9	2,177.4	577.7	860.7
V4	ko03450	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Non-homologous end-joining	5.0	47.2	4.4	4.2	44.8	19.8	0.0	0.0	0.0	133.0	3.6	38.4	91.0	7.0	3.6	38.8	4.6	3.2
V4	ko04080	Proc.Inf.Amb	Mol. Señal. Interacc	Neuroactive ligand-receptor interaction	0.0	0.0	0.0	0.3	1.9	0.6	6.0	2.5	4.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V4	ko04112	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Cell cycle - Caulobacter	1,003.2	2,413.8	609.9	701.8	7,667.6	1,136.7	5,045.9	1,993.2	3,304.5	2,888.8	839.1	826.5	2,393.8	944.2	1,206.6	2,114.1	536.6	799.3

V4	ko04122	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Sulfur relay system	850.1	1,941.9	508.8	712.4	8,443.6	1,158.9	4,481.1	1,847.1	2,573.7	2,321.0	505.0	732.3	2,154.0	874.0	1,133.6	1,472.2	430.7	630.5
V4	ko04141	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Protein processing in endoplasmic reticulum	24.9	67.4	13.8	14.7	200.0	28.1	117.8	46.0	78.3	44.6	10.5	14.0	53.3	18.6	23.5	37.9	7.9	11.9
V4	ko04142	Procesamien to celular	Transp. Catabol	Lysosome	0.0	0.0	0.0	0.0	188.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V4	ko04146	Procesamien to celular	Transp. Catabol	Peroxisome	222.7	482.4	121.4	172.7	2,048.0	280.7	1,122.3	444.1	736.4	504.4	141.5	147.5	433.4	169.1	227.2	315.5	89.6	137.4
V4	ko04210	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Apoptosis	20.3	40.5	9.2	8.2	185.1	16.3	33.4	11.3	24.4	27.5	9.7	7.3	23.0	7.6	10.2	33.2	6.3	13.3
V4	ko04310	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	Wnt signaling pathway	0.0	0.1	0.2	0.0	4.9	0.0	0.2	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.9	0.4	0.5	0.2	0.1	0.7
V4	ko04621	Sistema orgánico	Immune system	NOD-like receptor signaling pathway	69.2	158.8	46.9	31.5	393.8	58.8	0.0	0.0	0.0	193.0	57.1	58.7	150.8	61.5	79.1	165.1	43.9	64.2
V4	ko04626	Sistema orgánico	Adaptación ambiental	Interacción planta-patógeno	127.0	335.1	78.4	91.3	1,082.0	153.7	622.6	247.3	376.6	409.2	94.8	119.3	405.0	155.9	197.0	276.5	70.4	109.1
V4	ko04910	Sistema orgánico	Sistema endócrino	Vía de señalización de insulina	59.8	144.7	36.3	54.9	575.2	84.2	392.1	158.8	234.3	182.4	41.9	54.7	168.5	71.0	92.7	108.6	30.9	46.1
V4	ko04974	Sistema orgánico	Sistema Digestivo	Digestión y absorción de proteínas	25.4	72.8	11.8	12.6	169.6	26.8	209.7	74.6	173.0	21.5	23.8	3.7	25.0	9.5	11.7	63.4	13.4	23.1
V4	ko05100	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Invasión bacteriana de células epiteliales	22.0	40.6	15.4	11.5	124.1	17.5	2.9	1.1	1.4	70.6	15.3	25.4	58.8	23.2	46.5	73.5	31.3	42.0
V4	ko05110	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Infección por vibrio cholerae	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.6	0.7	0.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V4	ko05111	Procesamien to celular	Comunidad celular-procariotes	Cicl.Patog.V. cholerae	136.1	334.3	79.0	113.1	1,303.2	186.7	675.6	273.8	395.5	480.9	98.1	147.0	446.2	172.8	235.3	288.5	86.9	130.9
V4	ko05120	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Señalización de células epiteliales en infección por Helicobacter pylori	95.6	231.3	59.9	48.7	553.8	79.7	273.3	104.7	191.9	268.9	80.3	76.5	227.0	88.2	116.3	232.0	63.3	92.0

V4	ko05130	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Infección por E. coli patógena	13.6	24.2	8.1	14.8	162.6	21.5	4.0	1.6	2.0	38.1	1.6	17.3	50.7	17.4	45.9	47.6	28.0	36.7
V4	ko05142	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc-parasit	Infección de Chagas	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	48.5	18.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.6
V4	ko05143	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc-parasit	African trypanosomiasis	17.2	44.8	9.7	13.6	180.7	26.8	0.0	0.0	80.0	47.4	4.4	15.0	33.7	12.0	19.6	20.0	9.2	0.0
V4	ko05146	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc-parasit	Amebiasis	0.2	1.1	0.3	0.0	10.8	0.1	0.4	0.1	4.9	1.5	4.4	0.0	5.0	1.4	2.2	6.3	0.0	0.0
V4	ko05150	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Infección por Staphylococcus aureus	63.9	111.8	50.9	36.6	173.4	33.7	148.9	60.4	118.1	287.7	108.0	68.9	98.4	47.8	62.9	195.1	54.6	77.8
V4	ko05410	Enfermedad es Humana	Cardiovascular disease	Hypertrophic cardiomyopathy	0.0	0.1	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko00010	Metabolismo	Met. Carb	Glicólisis/Gluconeogénesis	1,803.8	2,234.4	627.6	1,009.7	8,097.5	870.1	3,644.9	1,666.6	2,973.1	4,974.1	1,562.1	1,376.6	3,850.5	2,166.5	2,027.8	5,524.7	1,667.2	1,435.9
V6-7	ko00020	Metabolismo	Met. Carb	Ciclo de citrato (TCA)	2,095.0	2,486.7	707.4	1,209.3	9,527.3	984.7	4,481.1	2,058.3	3,626.1	5,475.8	1,662.9	1,444.0	4,219.4	2,441.3	2,217.8	5,692.6	1,670.0	1,462.1
V6-7	ko00030	Metabolismo	Met. Carb	Ruta Pentosa Fosfato	2,212.9	2,798.6	812.5	1,249.3	10,339.9	1,035.5	5,125.1	2,328.2	4,110.3	6,023.5	1,848.6	1,682.9	4,873.4	2,652.5	2,515.2	6,792.1	2,022.0	1,753.5
V6-7	ko00040	Metabolismo	Met. Carb	Interconversión de Pentosa y Glucoronato	1,158.3	1,477.1	447.8	576.6	4,887.6	494.8	1,520.8	799.2	1,405.6	3,493.9	1,013.8	941.3	2,672.8	1,453.4	1,414.1	3,847.0	1,122.1	939.3
V6-7	ko00051	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismos de Fructuosa y Manosa	1,314.4	1,646.6	538.3	720.0	6,244.2	554.0	2,707.0	915.4	1,667.4	4,007.1	1,147.6	1,139.7	3,231.0	1,690.1	1,665.5	4,716.2	1,362.8	1,187.2
V6-7	ko00052	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Galactosa	1,300.2	1,543.6	522.0	577.5	4,867.1	506.7	1,871.7	948.0	1,683.4	3,791.9	1,089.8	1,065.4	2,990.9	1,583.3	1,612.3	4,486.3	1,290.9	1,107.1
V6-7	ko00053	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Ascorbato y Aldarato	859.7	1,055.2	300.8	604.8	4,967.6	399.5	1,682.5	485.8	955.7	2,855.8	807.2	750.3	2,179.1	1,189.9	1,089.9	3,027.0	831.0	723.4
V6-7	ko00061	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos grasos	2,918.0	3,565.6	919.1	1,697.1	12,947.0	1,453.6	6,410.7	3,013.1	5,208.7	7,486.7	2,415.0	2,001.3	5,848.3	3,394.2	3,083.2	8,110.0	2,457.2	2,165.8
V6-7	ko00071	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Ácidos grasos	1,501.0	1,755.1	397.5	925.3	6,503.3	784.6	1,793.5	1,113.2	1,989.5	4,226.4	1,420.7	1,034.2	2,884.5	1,898.7	1,591.9	3,782.0	1,154.0	997.2
V6-7	ko00072	Metabolismo	Met. Lip	Síntesis y degradación de cuerpos cetónicos	2,231.0	2,646.8	483.5	1,392.8	9,205.2	1,209.9	2,005.7	1,829.3	3,181.0	5,984.0	2,137.9	1,445.5	3,899.3	2,730.0	2,186.6	4,898.5	1,574.1	1,360.4
V6-7	ko00100	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Esteroides	69.3	78.4	20.2	48.9	330.3	56.8	51.4	25.3	51.8	200.5	72.2	43.6	116.2	90.5	75.8	154.7	58.3	41.8
V6-7	ko00120	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos biliares primarios	133.9	159.2	50.6	48.9	424.9	45.1	32.9	9.7	27.9	428.7	125.6	122.7	337.0	183.6	191.6	551.1	159.8	146.6

V6-7	ko00121	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos biliares secundarios	881.0	1,123.0	376.0	202.0	2,313.0	152.0	197.0	60.0	149.0	2,921.0	793.0	926.0	2,500.0	1,187.0	1,375.0	4,139.0	1,139.0	1,072.0
V6-7	ko00130	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de ubiquinona y otros quinona-terpenoides	1,253.1	1,592.3	469.6	851.8	7,041.3	639.0	3,980.6	1,450.7	2,593.2	3,222.2	955.1	867.4	2,612.5	1,479.3	1,310.5	3,353.3	946.2	834.9
V6-7	ko00140	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de hormonas esteroidales	59.7	71.2	21.4	18.5	154.5	16.1	7.0	2.5	8.5	153.7	44.5	40.2	136.3	70.7	88.8	169.5	46.4	35.5
V6-7	ko00190	Metabolismo	Met. Energ	Fosforilación oxidativa	997.3	1,195.2	329.8	482.9	3,769.4	412.8	1,537.1	812.3	1,430.4	2,551.7	791.2	681.3	1,935.4	1,117.6	1,011.7	2,672.6	779.9	687.5
V6-7	ko00230	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Purinas	1,413.5	1,756.9	494.1	778.5	6,361.8	652.2	3,202.8	1,446.0	2,551.5	3,754.4	1,169.0	1,040.5	2,978.1	1,656.0	1,549.6	4,136.4	1,224.6	1,074.1
V6-7	ko00240	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Pirimidina	1,685.2	2,096.4	605.5	896.0	7,488.9	751.8	3,859.8	1,732.2	3,061.7	4,488.5	1,376.1	1,270.1	3,631.2	1,970.6	1,884.6	5,085.3	1,504.7	1,319.7
V6-7	ko00250	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Alanino, Aspartato y Glutamato	2,475.4	3,058.3	865.3	1,269.8	10,107.5	1,061.8	4,808.5	2,263.5	3,932.9	6,606.0	1,993.4	1,822.2	5,234.1	2,915.0	2,753.5	7,252.9	2,120.3	1,880.7
V6-7	ko00253	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de tetraciclina	948.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1,962.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko00260	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Gliina, Serina y Treonina	1,998.4	2,450.0	664.2	1,112.4	8,756.2	931.1	3,953.2	1,951.4	3,373.5	5,189.2	1,601.4	1,373.9	4,073.9	2,344.4	2,151.0	5,339.8	1,553.4	1,364.3
V6-7	ko00270	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de GCisteína y Metionina	1,753.1	2,243.7	607.4	936.4	7,706.5	776.4	3,628.5	1,716.0	3,027.8	4,828.8	1,502.8	1,347.0	3,900.0	2,110.3	2,004.9	5,413.7	1,601.5	1,400.7
V6-7	ko00280	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Valina, Leucina e Isoleucina	1,428.7	1,675.1	370.8	867.4	5,956.6	770.0	1,720.4	1,348.8	2,315.6	3,896.6	1,301.6	944.7	2,663.6	1,794.5	1,483.6	3,376.5	1,038.6	902.7
V6-7	ko00281	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Degradación de Geraniol	1,728.7	2,011.7	376.8	1,083.0	7,102.0	877.0	1,364.8	1,314.3	2,306.3	4,599.2	1,588.1	1,070.1	3,131.4	2,183.6	1,740.5	3,573.6	1,100.8	959.9
V6-7	ko00290	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Valina, Leucina e Isoleucina	3,188.6	3,996.5	1,107.6	1,744.7	14,134.4	1,414.3	7,616.4	3,462.9	6,022.2	8,701.0	2,570.4	2,395.7	6,892.3	3,786.8	3,583.2	9,707.1	2,859.0	2,565.5
V6-7	ko00300	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Lisina	2,180.7	2,728.9	756.4	1,127.9	9,173.9	947.2	4,800.6	2,174.2	3,815.9	5,644.7	1,737.0	1,588.5	4,608.4	2,519.0	2,406.1	6,341.9	1,892.3	1,694.8
V6-7	ko00310	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Lisina	805.6	936.0	214.9	509.7	3,615.2	445.9	1,058.9	628.5	1,130.3	2,263.8	761.9	546.9	1,536.8	1,012.4	852.1	2,037.8	631.1	538.0
V6-7	ko00311	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Degradación de Penicilina y cefalosporina	243.3	248.7	53.4	184.1	973.9	161.9	85.4	26.9	61.4	688.3	249.6	137.7	409.8	331.6	256.9	550.7	178.3	144.5
V6-7	ko00312	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	WNT3	229.5	263.0	40.5	103.6	582.8	81.1	67.7	25.4	53.5	422.5	135.8	93.0	363.1	231.7	214.6	514.2	123.8	135.7
V6-7	ko00330	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Arginina y Prolina	1,407.4	1,713.0	464.8	789.9	5,996.0	641.9	2,570.9	1,287.1	2,209.2	3,801.6	1,164.3	1,010.9	2,957.4	1,705.9	1,560.1	3,940.7	1,126.3	1,000.8

V6-7	ko00340	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Histidina	1,811.5	2,254.6	591.1	1,003.9	7,739.8	796.0	3,657.1	1,728.0	3,006.0	4,759.9	1,424.2	1,271.9	3,779.2	2,161.6	2,003.6	5,048.3	1,458.5	1,303.8
V6-7	ko00350	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Tirosina	809.3	984.8	255.8	461.2	3,663.5	348.6	1,303.6	666.4	1,172.8	2,238.0	700.3	601.5	1,706.9	963.6	873.3	2,278.1	659.0	573.8
V6-7	ko00360	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Fenilalanina	738.6	889.9	225.7	403.9	3,028.4	352.2	1,126.5	649.0	1,097.4	1,985.4	646.2	532.5	1,462.1	872.1	775.4	2,066.8	630.1	554.1
V6-7	ko00361	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Clorociclohexano y clorobenceno	238.2	268.0	67.5	136.1	954.9	141.2	217.1	185.2	306.8	574.0	201.6	140.5	398.5	264.1	225.1	568.4	178.6	149.3
V6-7	ko00362	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Benzoato	581.7	708.1	132.7	372.2	2,551.2	302.0	714.7	379.9	679.7	1,618.0	562.9	403.7	1,118.5	740.3	611.3	1,461.0	447.4	398.4
V6-7	ko00364	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	FluoroDegradación de Benzoato	285.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	509.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko00380	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Triptófano	885.3	1,045.5	231.2	546.3	3,912.7	487.7	1,098.5	684.3	1,228.6	2,469.8	844.6	607.2	1,675.6	1,098.1	924.7	2,189.7	680.0	579.9
V6-7	ko00400	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de tirosina y Triptófano	1,839.9	2,244.6	646.6	969.2	7,781.1	764.3	4,210.7	1,863.8	3,250.5	4,686.8	1,352.3	1,285.2	3,808.4	2,094.7	1,983.1	5,127.2	1,466.3	1,329.5
V6-7	ko00410	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Beta-Alanina	1,372.7	1,611.4	397.8	763.7	5,567.8	687.2	1,498.2	0.0	1,692.1	3,889.8	1,235.7	957.0	2,749.4	1,718.1	1,516.5	3,747.5	1,125.4	970.9
V6-7	ko00430	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Taurina e Hipotaurina	1,149.3	1,448.3	378.9	604.4	4,727.7	562.3	2,260.6	1,422.2	2,450.7	2,776.0	928.4	740.9	2,206.2	1,284.8	1,169.2	2,970.9	902.1	760.3
V6-7	ko00440	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Fosfonato y Fosfinato	327.1	425.2	106.7	192.1	1,616.6	118.8	808.1	347.0	607.0	849.9	242.9	231.5	701.9	380.1	348.9	833.6	220.7	203.7
V6-7	ko00450	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Seleniocompuestos	1,875.7	2,388.6	650.1	1,041.7	8,473.9	920.9	3,638.3	1,904.0	3,335.7	5,400.7	1,714.1	1,487.0	4,154.1	2,336.3	2,174.9	6,063.5	1,849.1	1,577.4
V6-7	ko00460	Metabolismo	Met. Amino-otros	CyanoMet. AminoAcid	1,388.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2,862.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko00471	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Glutamina y D-Glutamato	2,897.3	3,630.1	1,021.1	1,521.8	12,879.0	1,271.3	7,330.0	3,280.7	5,820.9	7,780.1	2,386.8	2,267.8	6,336.7	3,385.5	3,275.7	9,126.7	2,746.1	2,436.2
V6-7	ko00472	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Arginina y D-Ornitina	307.5	288.0	84.0	238.0	1,293.0	245.0	418.0	179.0	255.0	937.0	337.0	178.0	523.0	434.0	349.0	803.0	284.0	206.0
V6-7	ko00473	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Alanina	2,509.7	3,060.6	904.9	1,226.1	10,588.5	1,047.0	5,254.8	2,358.4	4,215.7	6,519.9	2,042.0	1,898.0	5,293.6	2,774.7	2,648.2	7,604.6	2,216.8	1,981.5
V6-7	ko00480	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Glutati6n	1,579.5	2,046.4	500.6	999.1	7,947.6	763.1	3,759.7	1,929.9	3,351.1	4,061.7	1,374.7	1,075.9	3,181.6	1,849.5	1,613.9	3,925.5	1,153.0	998.0
V6-7	ko00500	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Almid6n y Sucrosa	1,320.7	1,692.5	505.1	685.5	5,627.2	621.8	2,045.5	957.4	1,698.5	3,925.4	1,238.8	1,100.6	3,095.5	1,681.3	1,650.3	4,597.8	1,408.6	1,177.7
V6-7	ko00510	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Metabolismo de N-Glicanos	63.4	65.5	32.2	26.3	186.2	29.1	84.6	36.8	63.5	191.8	37.5	51.7	149.3	84.5	83.2	223.3	63.2	56.6

V6-7	ko00511	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de otros Glicanos	1,893.8	2,148.1	872.4	512.1	4,054.9	457.0	1,714.8	873.2	1,543.3	5,047.9	1,245.9	1,407.6	4,040.7	2,248.8	2,436.1	5,988.2	1,681.1	1,399.6
V6-7	ko00520	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de azúcares y otros azúcares nucleótidos	1,561.1	1,930.0	591.8	872.4	7,130.2	724.2	3,375.9	1,412.3	2,517.2	4,355.3	1,310.0	1,216.5	3,489.5	1,902.1	1,845.4	5,022.3	1,497.0	1,287.7
V6-7	ko00521	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Síntesis de Estreptomicina	2,326.6	2,737.8	887.8	1,059.7	8,443.5	1,000.9	3,488.8	2,081.4	3,653.6	6,662.1	2,116.9	1,863.8	5,155.7	2,839.8	2,772.7	7,715.8	2,338.3	1,990.5
V6-7	ko00522	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosynthesis of 12-, 14- and 16-membered macrolides	50.2	48.0	13.2	39.7	215.5	40.8	6.0	0.0	5.5	156.2	56.2	29.7	87.2	72.3	58.2	133.8	47.3	34.3
V6-7	ko00523	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Polyketide sugar unit biosynthesis	638.8	755.8	253.7	296.1	2,513.8	275.0	1,090.3	0.0	1,125.1	1,947.0	607.3	562.9	1,561.2	820.9	813.1	2,331.5	701.9	611.1
V6-7	ko00531	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de Glicosaminoglicanos	880.9	971.3	375.3	244.1	1,809.8	224.8	618.3	425.7	736.7	2,305.1	594.1	628.4	1,882.0	1,057.5	1,170.0	2,751.2	789.5	655.1
V6-7	ko00540	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de lipopolsacáridos	2,162.4	2,663.3	801.4	1,277.8	10,872.5	993.1	6,956.3	2,885.1	5,050.9	5,595.2	1,725.3	1,667.5	4,714.4	2,510.8	2,374.6	6,649.0	1,991.5	1,768.9
V6-7	ko00550	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de Peptidoglicanos	2,774.5	3,425.0	964.0	1,502.8	12,403.7	1,242.3	6,384.3	2,873.8	5,106.6	7,323.0	2,246.2	2,056.4	5,883.2	3,214.3	3,031.6	8,173.5	2,423.4	2,132.0
V6-7	ko00561	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Glicerolípidos	782.7	976.7	256.7	440.3	3,574.1	337.5	1,494.1	649.7	1,166.6	2,195.9	672.3	593.4	1,711.7	936.7	886.5	2,301.9	657.3	584.1
V6-7	ko00562	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Inositol-fosfato	489.7	556.6	149.4	291.8	1,985.5	269.0	749.0	393.2	678.0	1,319.1	435.8	320.6	913.0	600.5	526.5	1,268.7	387.5	323.7
V6-7	ko00564	Metabolismo	Met. Lip	Met. Lip Glicerofosfato	1,168.0	1,439.8	379.9	703.1	5,562.9	534.0	2,633.7	1,156.4	2,043.3	3,180.1	993.4	861.9	2,485.1	1,389.4	1,280.4	3,384.2	978.9	865.8
V6-7	ko00591	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de ácido Linoleico	423.2	554.5	143.8	145.5	1,321.4	151.3	335.3	142.3	273.0	1,340.8	477.3	433.2	970.5	509.1	491.7	1,525.3	499.1	430.0
V6-7	ko00600	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Esfingolípidos	428.8	490.8	189.5	128.1	1,029.7	111.8	446.5	230.1	400.5	1,111.6	282.8	304.0	934.4	501.7	580.3	1,322.5	359.3	296.7
V6-7	ko00620	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Piruvato	2,048.1	2,555.0	681.4	1,222.4	9,717.5	980.8	4,824.2	2,166.6	3,822.3	5,444.1	1,724.1	1,481.0	4,300.5	2,423.9	2,238.5	5,770.8	1,696.0	1,490.1
V6-7	ko00621	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Dioxina	260.0	330.0	89.4	213.0	2,085.8	116.0	1,135.3	232.0	454.1	810.5	205.3	237.3	720.6	333.0	337.6	979.5	234.6	228.5
V6-7	ko00622	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Xylene degradation	138.3	178.4	0.0	0.0	1,069.8	77.2	434.6	0.0	194.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko00627	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Aminobenzoato	403.3	505.4	110.5	247.1	1,885.6	236.6	528.0	327.5	575.0	1,194.8	427.1	323.7	838.1	514.2	457.2	1,227.9	401.9	334.4
V6-7	ko00630	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Glioxilato y dicarboxilato	1,573.0	1,929.4	490.1	925.2	6,996.3	724.6	2,889.6	1,343.1	2,323.1	4,325.6	1,319.5	1,114.0	3,262.2	1,909.6	1,715.8	4,345.9	1,229.4	1,105.1
V6-7	ko00633	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Nitrotolueno	419.8	562.6	167.8	228.9	2,299.5	169.4	319.9	152.9	288.9	1,835.3	522.0	548.1	1,333.9	601.1	637.7	2,201.8	649.9	556.1
V6-7	ko00640	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Propanoato	1,556.5	1,894.9	462.1	918.6	6,807.9	775.5	2,609.5	1,439.6	2,513.7	4,322.9	1,389.4	1,140.7	3,183.5	1,910.0	1,690.8	4,346.5	1,312.6	1,150.6
V6-7	ko00643	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Estireno	642.9	775.4	136.4	401.9	2,640.0	378.8	630.7	401.3	691.3	1,708.8	681.2	456.6	1,148.7	786.4	639.5	1,554.5	531.8	465.7

V6-7	ko00650	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Butanoato	1,571.6	1,945.2	479.7	954.3	7,297.7	818.1	2,631.6	1,305.5	2,329.5	4,473.6	1,474.8	1,193.3	3,239.1	1,936.2	1,722.3	4,595.2	1,428.3	1,222.6
V6-7	ko00660	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo C5- Branched dibasic acid	2,859.5	3,639.7	997.4	1,690.8	13,604.6	1,309.8	7,144.6	3,094.7	5,366.3	7,949.5	2,362.4	2,162.2	6,382.4	3,510.0	3,262.4	8,636.1	2,515.1	2,275.0
V6-7	ko00670	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	One carbon pool by folate	2,577.7	3,244.3	892.2	1,372.7	11,167.6	1,134.4	5,890.8	2,757.9	4,822.9	6,754.9	2,082.9	1,897.4	5,496.7	3,040.1	2,873.7	7,413.0	2,178.9	1,937.3
V6-7	ko00680	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Metano	786.8	985.9	272.0	430.9	3,509.1	343.2	1,687.6	724.5	1,290.8	2,114.5	641.4	584.0	1,685.0	929.9	888.4	2,296.5	670.3	590.5
V6-7	ko00710	Metabolismo	Met. Energ	Fijación de Carbono en organismos fotosintéticos	2,222.0	2,736.4	813.4	1,204.0	10,160.9	1,002.1	5,396.5	2,356.9	4,183.2	5,898.6	1,760.6	1,673.2	4,828.4	2,601.5	2,496.6	6,810.9	2,010.3	1,765.4
V6-7	ko00720	Metabolismo	Met. Energ	Ruta de Fijación de Carbono en procariotas	2,070.2	2,525.6	689.2	1,134.1	8,968.8	917.6	4,122.0	2,036.6	3,583.4	5,488.0	1,668.4	1,481.3	4,245.0	2,424.9	2,231.8	5,809.2	1,721.9	1,513.1
V6-7	ko00730	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Tiamina	2,114.2	2,592.7	754.7	998.7	8,404.1	886.4	4,318.5	2,146.5	3,764.4	5,714.7	1,707.2	1,637.9	4,572.8	2,422.1	2,317.8	6,793.4	2,006.1	1,794.9
V6-7	ko00740	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Riboflavina	1,497.8	1,839.6	536.5	782.6	6,662.6	676.1	3,002.2	1,474.8	2,604.4	4,161.3	1,251.8	1,161.1	3,287.6	1,782.3	1,687.3	4,567.8	1,346.9	1,185.8
V6-7	ko00750	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Vitamina B6	2,163.1	2,658.2	767.8	1,146.6	9,334.4	923.7	4,650.2	2,095.0	3,664.2	5,556.0	1,647.2	1,496.6	4,412.4	2,475.3	2,277.7	5,840.8	1,690.7	1,477.8
V6-7	ko00760	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Nicotina y nicotinamida	1,784.0	2,246.5	634.7	948.0	7,880.6	795.0	3,704.6	1,861.9	3,291.8	4,950.7	1,501.7	1,385.0	3,937.5	2,148.2	2,027.8	5,359.1	1,568.3	1,383.6
V6-7	ko00770	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Pantotenato y CoA	2,709.2	3,310.7	951.8	1,379.6	11,293.4	1,149.5	5,599.7	2,704.2	4,732.6	7,446.2	2,164.1	2,036.6	5,821.6	3,188.0	3,010.9	8,324.0	2,434.4	2,174.2
V6-7	ko00780	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Biotina	2,870.1	3,501.6	1,065.1	1,588.9	13,774.1	1,317.3	7,115.5	2,962.1	5,291.5	7,994.9	2,413.6	2,306.4	6,196.7	3,367.8	3,162.5	9,228.7	2,780.7	2,445.6
V6-7	ko00785	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de ácido lipoico	2,494.0	2,989.8	947.9	1,495.2	11,912.3	1,180.3	6,586.3	2,929.2	5,172.6	6,616.4	1,831.8	1,753.5	5,036.8	2,925.7	2,659.5	6,802.7	1,937.8	1,670.5
V6-7	ko00790	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Folato	2,203.4	2,691.5	773.9	1,249.5	10,380.3	1,001.8	5,586.8	2,557.7	4,488.7	5,659.4	1,745.7	1,582.6	4,676.9	2,627.3	2,426.9	6,062.5	1,766.7	1,583.4
V6-7	ko00860	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Porfirina y clorofila	1,148.8	1,461.2	387.0	684.7	5,508.5	579.4	2,315.8	1,131.0	1,971.9	3,375.1	1,092.2	942.1	2,637.2	1,461.0	1,348.1	3,625.4	1,096.7	973.0
V6-7	ko00900	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de esqueleto Terpenoide	2,037.6	2,526.1	675.7	1,134.4	8,796.1	950.2	4,279.6	2,001.5	3,556.4	5,588.5	1,739.0	1,515.4	4,316.0	2,459.1	2,295.0	6,042.0	1,814.5	1,594.2
V6-7	ko00903	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Limonene and pinene degradation	703.7	812.5	0.0	0.0	3,120.2	431.8	630.1	482.1	859.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko00906	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Carotenoides	30.4	31.2	10.1	17.5	158.1	20.4	57.5	31.8	60.8	73.4	31.5	18.6	52.2	35.9	30.5	80.4	30.4	25.0
V6-7	ko00908	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Zeatina	871.2	1,047.9	330.6	411.8	3,449.3	339.6	1,916.8	853.9	1,525.1	2,309.4	646.7	662.4	1,887.1	1,017.5	979.3	2,680.9	776.4	691.1

V6-7	ko00909	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Sesquiterpenoides y triterpenoides	30.1	28.8	7.9	23.8	129.3	24.5	3.6	0.0	3.3	93.7	33.7	17.8	52.3	43.4	34.9	80.3	28.4	20.6
V6-7	ko00910	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Nitrógeno	1,176.1	1,462.5	386.7	720.9	5,861.6	515.3	2,764.6	1,033.8	1,825.4	3,214.8	977.9	888.1	2,627.4	1,434.3	1,330.3	3,444.1	965.6	868.7
V6-7	ko00920	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Sulfuros	1,579.1	2,026.8	531.0	870.6	7,096.4	725.9	3,378.4	1,841.3	3,180.5	4,103.3	1,326.9	1,109.5	3,265.0	1,866.4	1,694.9	4,361.9	1,273.3	1,105.9
V6-7	ko00930	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Caprolactámicos	929.1	1,053.9	210.7	623.1	3,901.5	510.5	602.6	493.3	898.6	2,556.5	907.0	561.1	1,688.9	1,221.5	960.0	1,981.8	614.7	531.8
V6-7	ko00943	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	IsoBiosíntesis de Flavonoides	1.0	0.0	0.0	0.0	2.9	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	2.9	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
V6-7	ko00960	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Biosíntesis alcaloide de Tropano, piperidina y piridina	0.0	1,005.2	0.0	0.0	3,645.4	317.9	1,721.5	755.3	1,324.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko00965	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Betalain biosynthesis	159.5	146.0	49.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	471.5	0.0	0.0	278.0	221.5	184.0	402.5	0.0	0.0
V6-7	ko00970	Proc.Inf.Gen	Translación	Biosíntesis Aminoacil t-RNA	2,333.8	2,879.1	805.8	1,236.9	10,244.0	1,018.0	5,702.7	2,496.4	4,439.4	6,143.9	1,862.1	1,748.4	4,944.6	2,675.1	2,567.7	7,020.8	2,082.6	1,860.6
V6-7	ko00983	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Metabolismo de drogas y otras enzimas	1,843.9	2,312.1	697.3	1,005.4	8,540.9	854.3	4,172.0	1,865.2	3,316.6	4,943.2	1,493.0	1,400.7	4,061.8	2,192.0	2,145.6	5,665.8	1,661.7	1,413.9
V6-7	ko01040	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos grasos insaturados	1,152.6	1,355.9	324.1	672.4	4,830.4	592.2	1,597.3	1,112.1	1,903.1	3,004.5	984.5	732.1	2,166.6	1,362.7	1,164.6	2,761.0	829.9	718.8
V6-7	ko01051	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de ansamicina	5,617.9	7,009.3	2,005.1	2,956.8	25,125.5	2,601.0	9,032.7	4,429.3	8,318.9	17,277.4	5,159.5	4,776.5	13,293.4	7,070.1	6,844.8	19,493.1	5,915.8	5,111.8
V6-7	ko01053	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de péptidos sideróforos no-ribosomales	381.7	439.4	133.8	257.1	1,943.3	215.4	330.3	68.5	168.1	1,274.7	377.3	298.4	889.6	539.7	478.0	1,313.4	381.1	303.6
V6-7	ko01055	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de vancomicina	2,920.5	3,498.3	1,195.4	1,644.2	14,017.0	1,372.3	7,351.3	3,293.7	5,756.6	8,926.4	2,778.8	2,634.5	7,505.3	3,874.2	3,825.0	11,096.2	3,318.3	2,921.5
V6-7	ko02010	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Transportadores ABC	1,373.4	1,791.4	448.8	892.8	7,085.8	743.6	3,093.2	1,260.9	2,208.7	4,056.8	1,310.1	1,091.9	3,080.8	1,736.2	1,581.0	4,297.2	1,307.2	1,117.8
V6-7	ko02020	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	Sistema de dos componentes	919.5	1,163.7	296.9	510.7	4,066.3	391.3	1,228.3	757.8	1,299.7	2,658.9	816.3	700.7	2,033.7	1,112.1	1,000.5	2,714.6	754.5	678.9
V6-7	ko02030	Procesamiento celular	Motilidad celular	Quimiotaxis Bacteriana	2,563.9	3,094.7	747.7	1,220.4	8,391.2	1,117.3	3,563.2	2,847.3	4,557.0	5,671.0	1,715.3	1,442.8	4,158.9	2,468.6	2,021.0	5,623.2	1,609.2	1,577.4

V6-7	ko02040	Procesamiento celular	Motilidad celular	Ensamblaje flagelar	1,594.6	1,997.5	484.6	646.3	4,782.4	648.5	1,489.0	1,626.1	2,669.1	3,822.3	1,157.7	974.2	2,916.5	1,581.6	1,362.5	4,076.6	1,138.0	1,090.9
V6-7	ko02060	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema fosfotransferasa (PTS)	679.1	975.2	289.5	476.3	4,573.6	368.1	1,763.9	505.1	1,000.6	2,565.3	806.4	787.9	2,088.0	980.9	972.9	3,239.4	982.9	836.1
V6-7	ko03008	Proc.Inf.Gen	Traducción	Biogénesis de Ribosomas en eucariotes	119.6	150.8	41.9	73.4	576.3	58.0	345.9	158.3	273.9	291.1	95.4	79.8	233.2	135.3	125.6	291.4	85.4	77.0
V6-7	ko03010	Proc.Inf.Gen	Traducción	Ribosoma	2,225.2	2,738.7	786.3	1,176.2	9,741.0	973.9	5,523.8	2,415.1	4,294.6	5,771.7	1,722.9	1,632.2	4,686.5	2,552.6	2,445.3	6,591.9	1,941.3	1,729.2
V6-7	ko03013	Proc.Inf.Gen	Traducción	Transporte de RNA	76.3	92.8	29.2	43.1	370.1	30.0	210.1	82.8	148.6	208.6	59.3	58.5	177.6	93.4	94.2	235.3	65.7	59.8
V6-7	ko03015	Proc.Inf.Gen	Traducción	Ruta de vigilancia de mRNA	0.0	0.0	0.7	0.0	0.0	0.0	5.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko03018	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Degradación de RNA	986.9	1,219.0	351.0	531.2	4,388.9	451.3	2,405.2	1,115.1	1,966.1	2,455.2	777.3	684.5	2,020.4	1,125.1	1,040.4	2,709.9	793.5	698.3
V6-7	ko03020	Proc.Inf.Gen	Transcription	RNA polimerasa	1,371.3	1,685.2	458.9	667.8	5,047.8	602.8	2,208.8	1,202.1	2,099.7	3,564.8	1,099.1	958.6	2,811.1	1,607.6	1,516.1	3,905.2	1,158.8	1,021.1
V6-7	ko03022	Proc.Inf.Gen	Transcription	Factores de transcripción basal	0.0	0.0	3.1	0.0	0.0	0.0	24.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.3	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko03030	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Replicación de DNA	1,876.1	2,297.4	653.4	1,024.7	8,346.0	833.7	4,513.0	1,981.3	3,518.0	4,875.6	1,495.1	1,363.2	3,916.7	2,165.8	2,035.7	5,445.4	1,601.2	1,413.3
V6-7	ko03050	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Proteasoma	41.2	41.6	12.4	29.8	171.6	31.0	20.5	1.2	7.3	125.1	44.9	24.7	69.5	59.3	46.4	103.8	38.0	31.0

V6-7	ko03060	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Exportación de proteínas	2,374.5	2,900.3	823.5	1,296.0	10,449.6	1,073.1	5,583.8	2,446.0	4,338.8	6,168.7	1,852.3	1,698.5	4,914.1	2,739.9	2,577.9	6,828.0	2,007.0	1,784.8
V6-7	ko03070	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema bacteriano de excreción	1,582.1	2,034.1	558.1	843.9	7,048.6	731.1	3,166.2	1,679.7	2,924.8	4,328.2	1,322.7	1,191.1	3,484.0	1,861.3	1,733.6	4,786.8	1,364.5	1,218.2
V6-7	ko03410	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de bases	1,572.3	1,915.9	521.9	929.5	7,243.7	759.7	3,613.5	1,568.5	2,788.8	4,126.9	1,297.5	1,107.0	3,227.1	1,852.2	1,704.0	4,383.6	1,304.4	1,141.6
V6-7	ko03420	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de nucleótidos	1,106.6	1,334.0	374.9	597.3	4,739.6	504.1	2,492.9	1,100.6	1,952.7	2,885.1	881.8	794.4	2,293.4	1,288.4	1,214.0	3,236.3	970.3	861.6
V6-7	ko03430	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Mismatch repair	2,426.0	3,013.8	852.6	1,313.3	10,839.3	1,054.5	5,923.5	2,626.6	4,646.3	6,328.8	1,933.1	1,801.5	5,176.0	2,802.2	2,664.1	7,214.7	2,124.6	1,876.8
V6-7	ko03440	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Recombinación homóloga	2,243.2	2,812.4	790.6	1,219.6	10,162.4	978.8	5,623.4	2,497.2	4,413.0	5,868.0	1,779.8	1,666.3	4,780.5	2,600.0	2,463.4	6,586.1	1,943.6	1,715.7
V6-7	ko03450	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Non-homologous end-joining	109.5	125.7	22.6	80.8	443.7	72.5	116.6	67.8	106.7	288.8	106.0	59.6	177.6	146.9	109.2	212.2	66.5	61.5
V6-7	ko04112	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Cell cycle - Caulobacter	2,222.4	2,721.0	763.4	1,217.6	9,744.8	1,004.8	5,414.0	2,501.1	4,391.8	5,821.5	1,779.2	1,623.1	4,672.9	2,599.7	2,436.2	6,483.9	1,896.2	1,704.9
V6-7	ko04113	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Meiosis - yeast	12.3	12.9	4.5	7.5	45.9	0.0	16.7	0.0	22.0	48.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	51.8	16.6	13.4
V6-7	ko04122	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Sulfur relay system	2,109.7	2,695.8	698.5	1,262.6	10,173.9	1,039.9	5,582.0	2,384.7	4,194.3	5,668.1	1,925.5	1,574.4	4,415.3	2,495.7	2,260.7	6,153.0	1,850.6	1,642.2
V6-7	ko04141	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Protein processing in endoplasmic reticulum	49.0	63.4	19.8	22.2	191.2	17.3	99.3	39.0	69.0	137.9	36.9	40.2	114.9	59.8	61.7	166.5	48.6	43.4

V6-7	ko04146	Procesamiento celular	Transp. Catabol	Peroxisome	646.0	750.3	199.3	391.1	2,913.3	305.4	1,170.7	522.0	939.1	1,749.6	540.3	449.3	1,263.9	778.6	688.2	1,646.9	487.7	423.7
V6-7	ko04210	Procesamiento celular	Crec.Cel.Muerte	Apoptosis	70.5	76.7	27.5	19.0	185.0	18.6	38.5	19.5	33.5	159.5	43.1	48.1	128.5	66.9	66.5	163.3	42.2	38.6
V6-7	ko04310	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	Wnt signaling pathway	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko04621	Sistema orgánico	Immune system	NOD-like receptor signaling pathway	85.7	110.9	30.6	0.0	402.2	0.0	218.9	86.2	153.3	214.0	0.0	65.8	188.3	97.6	94.9	247.9	70.9	62.8
V6-7	ko04626	Sistema orgánico	Adaptación ambiental	Interacción planta-patógeno	323.4	417.3	107.9	177.8	1,439.9	159.1	742.6	360.2	621.5	778.7	254.4	212.1	643.0	352.6	321.9	834.2	253.4	223.6
V6-7	ko04910	Sistema orgánico	Sistema endócrino	Vía de señalización de insulina	127.0	170.6	44.9	89.6	716.4	65.3	407.9	145.9	254.8	347.3	101.1	93.0	282.4	158.7	146.0	367.8	107.4	94.9
V6-7	ko04974	Sistema orgánico	Sistema Digestivo	Digestión y absorción de proteínas	65.1	66.1	29.5	23.8	213.1	23.8	89.9	44.8	83.9	173.7	40.2	46.8	138.2	82.9	80.1	197.7	55.3	46.3
V6-7	ko05010	Enfermedades Humanas	Neurodegenerative disease	Alzheimer disease	101.9	0.0	0.0	0.0	375.8	0.0	0.0	0.0	0.0	210.0	0.0	56.4	0.0	0.0	0.0	185.2	0.0	0.0
V6-7	ko05100	Enfermedades Humanas	Enf. Infecc	Invasión bacteriana de células epiteliales	74.1	76.6	33.0	43.6	436.1	14.8	14.2	0.0	12.8	322.7	72.0	86.3	265.2	119.2	121.1	354.3	72.9	69.7
V6-7	ko05110	Enfermedades Humanas	Enf. Infecc	Infección por vibrio cholerae	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V6-7	ko05111	Procesamiento celular	Comunidad celular-procariotes	Cicl.Patog.V. cholerae	500.4	642.7	175.4	265.5	2,087.3	248.6	1,045.1	735.8	1,245.0	1,091.8	372.4	302.0	962.8	526.6	452.8	1,117.3	317.2	291.0
V6-7	ko05120	Enfermedades Humanas	Enf. Infecc	Señalización de células epiteliales en infección por Helicobacter pylori	182.4	239.2	65.3	88.8	785.2	76.2	362.4	170.4	303.2	522.3	153.8	151.5	419.8	215.6	212.1	588.0	171.4	152.1
V6-7	ko05143	Enfermedades Humanas	Enf. Infecc-parasit	African trypanosomiasis	65.2	82.9	19.6	35.5	288.0	30.1	78.9	81.5	133.1	140.3	44.3	36.5	119.6	69.3	53.2	123.3	31.6	31.3
V6-7	ko05146	Enfermedades Humanas	Enf. Infecc-parasit	Amebiasis	10.0	8.9	3.2	7.4	36.3	6.9	7.3	5.2	7.8	34.5	8.6	7.5	23.1	15.4	13.2	30.0	9.4	7.4
V6-7	ko05150	Enfermedades Humanas	Enf. Infecc	Infección por Staphylococcus aureus	16.3	17.7	4.2	5.8	32.7	6.3	6.6	2.8	6.4	27.6	6.9	9.1	12.8	9.7	6.8	52.7	6.5	9.1
V8	ko00010	Metabolismo	Met. Carb	Glicólisis/Gluconeogénesis	913.5	1,386.3	300.7	561.8	4,531.4	491.1	2,251.7	1,258.8	2,187.0	2,143.0	651.1	654.4	2,165.1	1,021.4	1,140.8	2,701.1	837.8	796.4

V8	ko00020	Metabolismo	Met. Carb	Ciclo de citrato (TCA)	1,041.9	1,619.3	342.3	631.0	5,137.1	569.6	2,493.2	1,487.9	2,577.2	2,384.9	721.0	736.8	2,419.4	1,127.5	1,297.0	2,979.4	927.3	888.8
V8	ko00030	Metabolismo	Met. Carb	Ruta Pentosa Fosfato	1,212.4	1,873.3	398.4	738.9	5,987.0	662.4	3,017.7	1,719.7	2,982.0	2,804.2	860.3	859.4	2,853.6	1,341.8	1,510.8	3,543.1	1,106.5	1,049.8
V8	ko00040	Metabolismo	Met. Carb	Interconversión de Pentosa y Glucoronato	638.7	1,064.6	209.4	365.8	3,086.8	356.0	1,292.2	997.9	1,710.5	1,366.4	393.2	435.4	1,462.8	647.8	792.8	1,649.3	506.9	501.2
V8	ko00051	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismos de Fructuosa y Manosa	646.3	1,017.0	212.8	385.7	3,172.8	345.0	1,423.2	926.5	1,598.2	1,477.5	432.0	455.9	1,550.0	710.5	806.6	1,826.8	556.3	538.1
V8	ko00052	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Galactosa	651.5	1,002.6	214.7	395.6	3,218.6	346.0	1,513.0	907.3	1,570.7	1,519.4	451.3	464.8	1,543.8	719.0	812.8	1,896.0	580.3	556.5
V8	ko00053	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Ascorbato y Aldarato	214.2	330.8	71.1	127.8	1,054.6	104.5	412.3	288.0	494.8	513.4	141.1	154.5	510.7	232.3	270.9	632.6	182.5	176.9
V8	ko00061	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos grasos	1,127.4	1,861.3	369.1	652.5	5,466.1	639.0	2,444.1	1,757.7	3,022.5	2,411.4	713.4	769.1	2,575.7	1,154.9	1,399.3	2,941.6	920.4	901.2
V8	ko00071	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Ácidos grasos	693.9	953.5	229.2	455.8	3,528.5	360.5	2,011.7	832.0	1,469.5	1,768.0	560.7	520.9	1,654.5	826.4	870.3	2,302.7	719.7	664.4
V8	ko00100	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Esteroides	34.0	35.9	11.3	25.5	182.5	16.5	132.8	27.5	51.7	101.6	34.8	28.1	84.4	47.1	43.1	140.0	44.5	39.1
V8	ko00120	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos biliares primarios	146.7	263.6	47.6	79.7	694.4	89.5	285.1	259.1	442.1	279.3	81.6	94.6	322.7	136.9	179.0	324.4	104.7	107.0
V8	ko00121	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos biliares secundarios	1,320.7	2,372.7	428.7	717.3	6,250.0	805.3	2,566.0	2,332.0	3,978.7	2,514.0	734.0	851.3	2,904.7	1,232.0	1,610.7	2,920.0	942.0	963.3
V8	ko00130	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de ubiquinona y otros quinona-terpenoloides	762.3	1,191.1	250.6	459.4	3,752.6	414.7	1,781.4	1,092.8	1,890.4	1,741.1	521.5	538.2	1,770.5	820.8	950.5	2,169.1	671.5	645.1
V8	ko00190	Metabolismo	Met. Energ	Fosforilación oxidativa	381.4	589.9	125.4	231.3	1,881.9	207.7	916.6	541.6	938.9	875.7	264.9	270.0	888.8	415.0	474.7	1,095.7	340.8	326.1
V8	ko00230	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Purinas	734.6	1,075.2	242.1	463.2	3,678.1	390.2	1,932.6	963.7	1,684.1	1,777.6	549.8	535.5	1,745.8	841.9	917.9	2,269.3	706.4	663.9
V8	ko00240	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Pirimidina	814.3	1,200.6	268.2	511.2	4,070.0	435.9	2,135.4	1,082.5	1,890.5	1,953.6	604.9	590.8	1,931.2	928.5	1,016.1	2,489.5	777.3	731.8
V8	ko00250	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Alanino, Aspartato y Glutamato	1,210.0	1,814.0	398.2	751.4	6,022.4	652.8	3,093.5	1,646.8	2,868.6	2,859.9	880.2	870.8	2,859.6	1,362.1	1,508.7	3,624.0	1,131.4	1,070.6
V8	ko00260	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Glicina, Serina y Treonina	931.7	1,409.4	306.6	574.6	4,625.9	502.9	2,332.5	1,282.3	2,230.1	2,186.3	668.4	667.7	2,188.3	1,036.1	1,162.1	2,760.6	859.7	816.0
V8	ko00270	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Glicina y Metionina	968.0	1,520.7	317.8	586.5	4,759.4	535.0	2,376.1	1,408.0	2,436.8	2,219.0	678.5	681.8	2,258.1	1,059.4	1,204.3	2,792.8	872.7	830.9
V8	ko00280	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Valina, Leucina e Isoleucina	522.3	701.0	172.5	348.0	2,670.1	270.5	1,575.1	607.6	1,078.3	1,351.0	433.6	395.6	1,250.4	632.6	654.8	1,771.7	556.1	510.4
V8	ko00281	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Degradación de Geraniol	768.5	1,052.7	253.7	506.2	3,911.2	399.2	2,241.9	916.9	1,620.4	1,963.5	623.9	578.0	1,831.9	916.9	964.6	2,560.8	800.8	738.5

V8	ko00290	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Valina, Leucina e Isoleucina	1,572.8	2,362.3	517.6	974.8	7,822.9	849.8	4,012.1	2,148.7	3,742.6	3,706.4	1,140.6	1,129.8	3,709.5	1,764.9	1,961.9	4,696.9	1,467.1	1,388.2
V8	ko00300	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Lisina	974.0	1,414.3	320.9	617.8	4,886.9	520.1	2,631.7	1,270.1	2,224.2	2,363.7	738.6	711.3	2,317.4	1,124.6	1,216.1	3,030.1	948.8	888.7
V8	ko00310	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Lisina	300.7	387.5	99.8	203.8	1,549.9	147.7	903.7	322.4	574.8	810.4	256.3	232.8	730.8	373.4	380.6	1,069.3	329.2	300.1
V8	ko00330	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Arginina y Prolina	587.6	919.0	193.1	353.6	2,891.1	320.7	1,376.7	845.7	1,463.2	1,337.2	401.3	414.0	1,376.2	637.6	731.7	1,665.4	516.6	496.5
V8	ko00340	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Histidina	768.2	1,168.0	252.4	473.3	3,810.6	421.7	1,959.5	1,072.4	1,865.9	1,784.0	551.5	547.8	1,812.2	858.4	956.9	2,255.5	709.4	672.8
V8	ko00350	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Tirosina	226.1	330.1	75.0	141.1	1,130.5	112.2	529.9	286.3	497.8	560.4	164.2	166.4	546.5	259.5	287.0	712.1	212.5	200.2
V8	ko00360	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Fenilalanina	265.2	370.1	88.2	170.2	1,340.3	128.4	664.3	313.6	549.2	682.4	203.1	199.4	643.5	312.8	335.1	874.9	261.4	244.3
V8	ko00361	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Clorociclohexano y clorobenceno	75.6	127.7	24.9	42.4	363.4	40.4	130.7	117.7	200.7	162.7	44.1	51.5	174.2	75.3	94.2	193.1	56.9	57.2
V8	ko00362	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Benzoato	200.7	261.4	66.7	134.9	1,031.3	98.0	586.6	217.7	387.1	537.9	168.4	154.8	488.4	247.7	253.6	706.2	216.3	197.9
V8	ko00380	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Triptófano	377.6	523.3	124.6	247.0	1,916.9	197.5	1,088.5	459.1	809.9	955.0	302.9	282.4	899.0	447.5	473.6	1,242.0	388.9	359.5
V8	ko00400	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de tirosina y Triptófano	862.6	1,284.5	283.9	538.1	4,300.7	465.0	2,237.9	1,164.8	2,031.7	2,048.5	633.4	622.4	2,036.1	974.2	1,075.9	2,603.7	814.2	768.4
V8	ko00430	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Taurina e Hipotaurina	585.2	919.2	192.4	350.8	2,876.1	317.9	1,342.9	844.0	1,458.6	1,330.8	396.1	412.1	1,368.4	631.3	728.9	1,651.9	509.9	491.4
V8	ko00440	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Fosfonato y Fosfinato	93.0	132.3	30.8	59.5	468.7	47.6	245.4	115.8	203.0	232.3	71.2	68.9	225.5	109.7	117.6	299.6	92.0	85.6
V8	ko00450	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Seleniocompuestos	1,120.4	1,731.8	368.0	684.4	5,533.8	614.9	2,851.9	1,592.3	2,761.6	2,597.3	804.6	794.0	2,617.3	1,234.8	1,396.3	3,299.6	1,034.6	976.8
V8	ko00471	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Glutamina y D-Glutamato	1,528.7	2,420.9	501.6	913.7	7,499.8	847.4	3,573.1	2,246.9	3,883.8	3,425.5	1,031.8	1,068.9	3,550.4	1,636.9	1,895.4	4,244.4	1,325.8	1,280.3
V8	ko00473	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Alanina	1,672.3	2,408.8	551.2	1,066.5	8,407.3	888.8	4,563.0	2,153.1	3,774.7	4,090.5	1,280.5	1,226.7	3,986.1	1,942.5	2,088.9	5,255.0	1,644.3	1,537.1
V8	ko00480	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Glutión	880.3	1,413.2	288.9	520.4	4,302.4	486.3	1,966.1	1,311.2	2,260.0	1,955.3	579.6	612.5	2,031.1	925.8	1,096.9	2,411.1	747.2	724.5
V8	ko00500	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Almidón y Sucrosa	708.7	1,085.7	233.3	432.9	3,507.0	381.1	1,706.0	987.2	1,712.1	1,651.4	497.8	505.8	1,679.4	787.1	885.2	2,072.8	640.8	611.4
V8	ko00510	Metabolismo	Met. Biosin-Glicanos	Metabolismo de N-Glicanos	54.9	80.1	18.0	34.9	275.1	30.3	155.1	73.2	128.4	131.0	42.0	39.8	127.4	62.3	67.9	168.2	53.8	50.3

V8	ko00511	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de otros Glicanos	189.0	319.2	62.2	106.0	908.5	100.9	326.7	294.4	501.7	406.7	110.2	128.8	436.3	188.7	236.5	484.1	142.7	143.0
V8	ko00520	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de azúcares y otros azúcares nucleótidos	892.0	1,390.1	292.9	539.7	4,396.0	490.3	2,142.6	1,280.9	2,218.5	2,033.8	616.5	629.6	2,104.7	979.9	1,109.7	2,539.7	792.8	760.2
V8	ko00521	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Síntesis de Estreptomicina	1,012.2	1,391.0	333.9	665.8	5,148.0	532.2	2,987.9	1,222.6	2,161.6	2,566.7	821.6	758.2	2,444.8	1,222.6	1,270.4	3,353.9	1,055.7	972.2
V8	ko00540	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de lipopolsacáridos	788.5	1,349.0	258.0	442.5	3,782.5	447.5	1,522.0	1,278.8	2,185.8	1,634.1	465.4	528.9	1,787.2	777.4	977.3	1,947.9	600.6	600.7
V8	ko00550	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de Peptidoglicanos	1,245.6	1,847.9	410.2	779.2	6,214.8	667.4	3,268.3	1,669.4	2,912.4	2,982.3	925.0	900.9	2,955.3	1,419.7	1,554.9	3,808.9	1,188.9	1,117.0
V8	ko00561	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Glicerolípidos	318.6	517.2	104.6	186.1	1,550.9	175.9	686.1	481.6	828.8	698.9	204.8	220.0	740.8	334.3	395.7	855.1	263.8	257.7
V8	ko00562	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Inositol-fosfato	411.8	646.7	134.8	249.0	2,026.9	232.4	1,021.3	603.6	1,046.2	924.1	285.4	288.6	951.2	443.7	512.1	1,157.3	367.3	351.4
V8	ko00564	Metabolismo	Met. Lip	Met. Lip Glicerofosfato	564.6	873.1	185.8	342.3	2,786.2	304.3	1,331.4	796.5	1,379.4	1,303.9	390.8	400.9	1,324.6	617.1	704.0	1,628.9	502.8	481.8
V8	ko00591	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de ácido Linoleico	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	4.3	1.3	2.0	0.6	0.0
V8	ko00600	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Esfingolípidos	98.0	151.9	32.2	59.6	483.9	53.5	235.7	139.2	241.2	225.5	68.2	69.5	227.9	106.4	122.6	282.7	87.9	84.0
V8	ko00620	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Piruvato	924.1	1,418.8	304.0	563.7	4,570.1	498.7	2,226.7	1,293.2	2,242.6	2,146.0	647.8	658.3	2,170.6	1,016.9	1,152.8	2,691.2	833.5	796.0
V8	ko00627	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Aminobenzoato	224.0	284.0	74.3	153.5	1,158.9	110.6	697.9	235.6	421.8	608.6	194.9	174.4	545.6	281.5	282.3	805.7	249.8	227.1
V8	ko00630	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Glioxilato y dicarboxilato	583.8	876.2	193.0	359.1	2,900.4	300.0	1,359.2	777.5	1,348.7	1,402.4	413.5	422.8	1,384.7	651.1	731.1	1,760.4	531.8	507.1
V8	ko00633	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Nitrotolueno	211.8	352.4	70.1	118.6	1,019.7	110.1	360.3	323.9	553.2	460.5	123.5	144.6	487.3	211.3	262.1	546.3	159.1	160.1
V8	ko00640	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Propanoato	622.6	889.7	205.7	397.7	3,134.3	323.3	1,662.9	784.7	1,375.3	1,543.5	476.8	459.7	1,481.3	721.8	778.9	1,980.1	612.1	572.6
V8	ko00660	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo C5- Branched dibasic acid	1,538.0	2,428.5	505.2	922.0	7,547.9	847.4	3,715.6	2,250.2	3,890.6	3,487.0	1,063.4	1,076.4	3,563.6	1,654.9	1,914.0	4,386.2	1,369.5	1,304.4
V8	ko00670	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	One carbon pool by folate	1,212.0	1,762.3	399.2	769.6	6,079.0	647.7	3,329.4	1,583.1	2,771.6	2,951.7	928.9	884.7	2,884.4	1,403.6	1,512.3	3,802.5	1,192.3	1,112.0
V8	ko00680	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Metano	299.3	460.8	98.5	181.8	1,478.3	161.1	711.6	420.4	728.7	692.8	208.1	212.7	706.4	329.8	373.0	866.9	267.8	256.2
V8	ko00710	Metabolismo	Met. Energ	Fijación de Carbono en organismos fotosintéticos	1,042.2	1,583.0	342.8	641.0	5,168.9	564.1	2,595.6	1,443.0	2,508.3	2,435.5	743.9	745.2	2,477.3	1,169.7	1,299.2	3,070.8	956.7	909.4
V8	ko00720	Metabolismo	Met. Energ	Ruta de fijación de Carbono en procariotas	956.0	0.0	314.4	0.0	4,731.4	0.0	2,345.8	1,338.1	2,323.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V8	ko00730	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Tiamina	1,056.1	1,597.5	347.5	652.9	5,243.6	570.8	2,725.1	1,454.6	2,530.1	2,493.3	771.9	756.6	2,487.9	1,184.3	1,316.2	3,175.7	991.8	934.2

V8	ko00740	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Riboflavina	808.4	1,215.0	266.2	500.5	4,019.9	434.1	2,036.4	1,101.3	1,916.8	1,909.8	584.2	581.4	1,890.2	898.1	1,006.2	2,412.1	750.1	711.9
V8	ko00750	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Vitamina B6	850.8	1,381.0	279.3	501.9	4,143.4	469.0	2,036.9	1,283.4	2,207.9	1,917.5	585.8	588.5	1,975.7	908.7	1,059.0	2,426.1	753.4	713.8
V8	ko00760	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Nicotina y nicotinamida	936.7	1,445.7	307.8	578.6	4,629.8	512.4	2,425.8	1,327.8	2,303.1	2,215.7	687.2	669.3	2,204.6	1,052.6	1,166.7	2,829.9	883.0	829.6
V8	ko00770	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Pantotenato y CoA	1,331.5	2,017.0	438.0	820.4	6,607.9	721.4	3,343.1	1,839.7	3,199.9	3,114.8	954.3	952.6	3,123.6	1,478.7	1,660.2	3,934.0	1,227.6	1,165.1
V8	ko00780	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Biotina	1,078.0	1,717.0	354.2	639.6	5,277.6	589.2	2,407.6	1,584.8	2,733.4	2,417.6	714.6	753.4	2,499.3	1,142.8	1,341.8	2,983.4	920.1	891.6
V8	ko00785	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de ácido lipoico	1,252.7	1,806.6	412.6	799.9	6,299.1	666.6	3,418.9	1,612.2	2,825.0	3,067.9	960.4	920.0	2,951.4	1,439.6	1,566.7	3,941.2	1,233.2	1,152.8
V8	ko00790	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Folato	1,149.3	1,656.1	378.7	733.2	5,778.4	611.1	3,136.2	1,479.6	2,593.6	2,812.2	880.3	843.4	2,722.4	1,327.3	1,436.1	3,612.8	1,130.5	1,056.7
V8	ko00860	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Porfirina y clorofila	647.1	1,021.4	212.2	387.9	3,177.4	360.8	1,544.2	951.1	1,646.0	1,448.6	440.2	452.3	1,489.3	689.5	801.0	1,799.3	565.4	544.8
V8	ko00900	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de esqueleto Terpenoide	823.6	1,136.5	272.0	538.8	4,182.2	428.9	2,375.7	996.5	1,759.5	2,086.2	661.3	616.0	1,981.1	986.2	1,030.7	2,712.8	848.5	784.6
V8	ko00906	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Carotenoides	64.1	67.6	21.3	48.1	343.5	31.0	249.9	51.8	97.3	191.3	65.5	52.9	158.9	88.6	81.1	263.5	83.7	73.6
V8	ko00908	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Zeatina	313.7	451.7	103.4	200.0	1,576.9	166.7	855.8	403.9	708.3	767.0	240.1	230.0	750.6	365.6	391.7	985.3	308.3	288.2
V8	ko00910	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Nitrógeno	704.2	1,119.2	231.5	418.0	3,448.9	383.0	1,566.1	1,030.8	1,778.0	1,584.4	467.1	492.9	1,637.5	748.9	876.0	1,954.3	601.1	582.7
V8	ko00920	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Sulfuros	1,001.6	1,511.2	329.4	620.2	4,978.7	542.6	2,541.5	1,374.1	2,391.0	2,356.4	724.1	719.3	2,349.0	1,115.9	1,249.9	2,981.3	931.1	882.3
V8	ko00970	Proc.Inf.Gen	Translación	Biosíntesis Aminoacil t-RNA	1,019.5	1,467.9	336.1	649.9	5,125.2	541.6	2,781.6	1,312.9	2,302.1	2,492.6	780.3	747.5	2,441.6	1,189.3	1,273.7	3,203.4	1,002.3	936.7
V8	ko01040	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos grasos insaturados	560.8	883.2	183.9	337.2	2,756.5	312.0	1,341.5	819.8	1,418.7	1,261.7	383.3	393.2	1,300.3	602.8	699.0	1,574.5	494.1	474.0
V8	ko01051	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de ansamicina	2,625.2	4,224.6	860.6	1,549.9	12,820.6	1,472.4	6,005.7	3,956.9	6,828.4	5,766.7	1,731.2	1,816.2	6,106.1	2,787.7	3,249.7	7,102.5	2,226.0	2,161.3
V8	ko01053	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de péptidos sideróforos no-ribosomales	173.3	210.3	58.1	119.5	901.8	74.8	485.9	159.0	284.8	499.0	150.3	138.9	435.0	222.9	222.8	659.1	193.7	175.7
V8	ko01055	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de vancomicina	1,254.7	1,806.6	413.6	799.9	6,307.6	666.6	3,423.4	1,615.7	2,833.0	3,067.9	960.4	920.0	3,053.4	1,485.6	1,566.7	3,941.2	1,233.2	1,152.8
V8	ko02010	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Transportadores ABC	927.9	1,502.5	304.2	545.2	4,524.3	517.6	2,062.0	1,403.0	2,417.1	2,036.1	604.3	641.5	2,140.0	971.1	1,154.0	2,502.8	778.9	757.5

V8	ko02020	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	Sistema de dos componentes	651.7	1,060.9	214.0	380.7	3,174.5	362.0	1,401.3	988.4	1,699.9	1,426.3	418.1	450.1	1,500.4	676.1	810.3	1,742.1	538.2	526.4
V8	ko02030	Procesamien to celular	Motilidad celular	Quimiotaxis Bacteriana	965.9	1,687.9	315.9	529.3	4,597.2	558.0	1,796.6	1,626.6	2,777.9	1,925.3	545.0	634.2	2,161.0	923.9	1,189.8	2,266.4	704.0	712.1
V8	ko02040	Procesamien to celular	Motilidad celular	Ensamblaje flagelar	830.2	1,434.5	273.3	462.4	3,992.9	479.4	1,535.4	1,364.1	2,326.5	1,693.4	476.5	555.0	1,883.9	808.1	1,034.1	1,995.4	613.7	620.2
V8	ko02060	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema fosfotransferasa (PTS)	625.8	1,066.6	205.3	350.7	3,003.2	346.5	1,150.0	1,000.1	1,707.1	1,315.4	366.4	422.2	1,474.5	639.8	778.5	1,565.3	473.3	474.4
V8	ko03008	Proc.Inf.Gen	Traducción	Biogénesis de Ribosomas en eucariotes	77.3	117.1	25.4	47.8	383.7	42.3	198.2	107.2	186.5	180.3	55.8	55.3	180.8	85.9	96.3	228.2	71.7	68.0
V8	ko03010	Proc.Inf.Gen	Traducción	Ribosoma	953.8	1,381.8	314.4	605.6	4,787.5	507.5	2,574.2	1,238.3	2,168.9	2,320.9	724.3	697.5	2,277.9	1,105.8	1,190.6	2,975.1	930.1	871.2
V8	ko03013	Proc.Inf.Gen	Traducción	Transporte de RNA	22.2	38.0	7.3	12.4	106.4	12.2	39.5	35.6	60.8	46.5	12.8	14.9	51.4	22.2	27.6	55.0	16.5	16.6
V8	ko03018	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Degradació de RNA	423.3	637.5	139.3	262.0	2,104.3	228.5	1,071.1	579.3	1,008.2	997.1	305.9	304.0	1,000.7	475.2	527.8	1,261.0	393.2	372.7
V8	ko03020	Proc.Inf.Gen	Transcription	RNA polimerasa	474.9	661.2	156.8	308.6	2,405.5	248.6	1,355.3	583.9	1,029.7	1,191.4	377.0	353.1	1,137.4	563.7	593.5	1,545.8	483.9	448.4
V8	ko03030	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Replicación de DNA	870.1	1,252.5	286.8	555.0	4,374.9	461.5	2,369.6	1,118.1	1,960.1	2,131.0	666.3	638.7	2,073.9	1,010.6	1,086.8	2,736.9	855.5	799.8
V8	ko03050	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Proteasoma	22.7	24.0	7.5	17.0	121.6	11.0	88.5	18.4	34.5	67.8	23.2	18.7	56.3	31.4	28.7	93.3	29.6	26.1

V8	ko03060	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Exportación de proteínas	1,129.0	1,626.0	372.2	719.9	5,676.0	599.9	3,080.6	1,453.8	2,548.9	2,761.1	864.3	828.0	2,686.8	1,309.4	1,410.0	3,547.1	1,109.9	1,037.5
V8	ko03070	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema bacteriano de excreción	1,054.2	1,675.1	346.0	628.0	5,166.2	582.4	2,424.0	1,553.1	2,682.2	2,358.8	706.0	736.4	2,439.4	1,120.8	1,307.2	2,915.2	907.2	878.1
V8	ko03410	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de bases	695.3	1,009.3	229.2	440.7	3,488.3	368.4	1,855.5	902.3	1,579.2	1,693.2	525.8	508.6	1,653.3	801.1	869.3	2,168.4	675.7	633.2
V8	ko03420	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de nucleótidos	509.1	698.0	168.1	334.7	2,589.5	266.1	1,495.3	612.1	1,082.5	1,293.6	412.9	381.6	1,226.0	613.1	637.1	1,687.1	529.7	488.6
V8	ko03430	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Mismatch repair	1,130.8	1,655.0	372.6	713.2	5,661.7	603.3	2,997.0	1,487.5	2,600.6	2,730.4	847.6	823.3	2,681.8	1,294.6	1,411.5	3,487.7	1,088.9	1,023.0
V8	ko03440	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Recombinación homóloga	1,031.7	1,490.9	340.1	656.2	5,182.5	546.8	2,782.1	1,331.5	2,332.3	2,520.8	785.4	756.2	2,462.8	1,196.7	1,289.3	3,233.0	1,008.8	944.3
V8	ko03450	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Non-homologous end-joining	0.4	0.0	0.2	0.0	1.7	0.0	0.9	0.7	1.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V8	ko04112	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Cell cycle - Caulobacter	872.8	1,283.1	287.5	548.8	4,365.2	467.0	2,301.7	1,156.5	2,020.9	2,097.6	650.7	633.8	2,072.9	998.3	1,088.4	2,675.2	835.8	786.4
V8	ko04122	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Sulfur relay system	1,159.0	1,706.2	381.7	728.6	5,795.3	618.7	3,035.8	1,534.2	2,679.1	2,789.0	862.5	842.4	2,737.1	1,317.1	1,447.3	3,554.8	1,108.2	1,043.1
V8	ko04141	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Protein processing in endoplasmic reticulum	10.3	0.0	3.4	0.0	49.2	0.0	18.9	17.1	29.2	0.0	0.0	0.0	24.7	10.6	0.0	0.0	0.0	0.0
V8	ko04146	Procesamien to celular	Transp. Catabol	Peroxisome	304.0	445.5	100.0	192.1	1,522.5	163.9	818.2	402.0	703.0	731.9	228.9	221.2	713.3	345.3	379.0	935.7	293.9	276.0

V8	ko04210	Procesamiento celular	Crec.Cel.Muerte	Apoptosis	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.1	0.3	0.4	0.1	0.0
V8	ko04626	Sistema orgánico	Adaptación ambiental	Interacción planta-patógeno	195.5	311.5	65.9	119.7	989.7	118.1	441.9	285.5	489.4	436.0	130.5	140.5	468.7	211.5	253.4	531.6	166.5	162.9
V8	ko05100	Enfermedades Humana	Enf. Infecc	Invasión bacteriana de células epiteliales	85.8	149.3	28.1	47.4	409.6	48.9	157.0	142.0	242.2	174.8	49.0	57.0	193.2	82.8	105.4	204.8	62.8	63.9
V8	ko05120	Enfermedades Humana	Enf. Infecc	Señalización de células epiteliales en infección por <i>Helicobacter pylori</i>	76.0	132.0	24.9	41.9	362.7	43.2	139.1	125.8	214.6	154.5	43.3	50.4	173.1	74.2	93.8	181.9	55.8	56.4
V8	ko05142	Enfermedades Humana	Enf. Infecc-parasit	Infección de Chagas	30.6	44.1	10.1	19.5	153.6	16.3	83.4	39.3	68.9	74.8	23.4	22.4	72.0	35.1	38.2	96.1	30.1	28.1
V8	ko05150	Enfermedades Humana	Enf. Infecc	Infección por <i>Staphylococcus aureus</i>	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.2	2.8	0.0	0.0	0.0	0.0
V9	ko00010	Metabolismo	Met. Carb	Glicólisis/Gluconeogénesis	367.1	440.3	111.0	237.3	1,862.2	270.6	970.9	348.3	659.9	761.8	254.8	322.6	1,022.0	463.7	560.5	1,024.0	311.8	296.0
V9	ko00020	Metabolismo	Met. Carb	Ciclo de citrato (TCA)	355.6	435.7	112.0	249.3	1,845.4	277.2	1,079.5	417.1	840.4	910.3	333.2	414.1	1,129.1	529.0	644.7	894.5	289.8	273.0
V9	ko00030	Metabolismo	Met. Carb	Ruta Pentosa Fosfato	393.8	498.9	120.0	260.9	2,059.4	296.9	1,159.8	437.7	809.4	777.4	268.9	326.6	1,097.0	498.5	577.1	1,099.2	331.2	319.3
V9	ko00040	Metabolismo	Met. Carb	Interconversión de Pentosa y Glucoronato	210.6	264.1	80.8	159.3	1,295.8	181.1	511.1	195.6	334.7	483.7	150.5	198.7	682.4	307.4	364.3	740.5	220.1	220.7
V9	ko00051	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismos de Fructuosa y Manosa	257.7	281.6	84.8	172.4	1,259.4	189.3	588.2	205.9	381.1	498.5	144.7	203.8	702.1	298.1	386.2	823.7	243.8	238.4
V9	ko00052	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Galactosa	234.0	257.8	65.0	132.0	1,037.5	152.6	515.3	160.6	280.8	384.0	106.4	145.7	529.3	229.7	284.0	670.0	195.9	181.6
V9	ko00053	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Ascorbato y Aldarato	198.6	198.4	71.1	142.7	995.3	151.3	402.1	140.2	263.9	422.0	117.4	176.2	577.3	241.7	334.2	657.8	197.9	195.4
V9	ko00061	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos grasos	478.3	645.1	129.6	297.5	2,396.9	351.5	1,455.4	533.9	1,037.4	1,049.6	406.2	464.2	1,364.8	647.9	731.8	1,142.5	365.6	336.9
V9	ko00071	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Ácidos grasos	233.8	341.5	79.8	175.3	1,333.5	210.7	724.6	277.7	557.7	703.3	289.3	331.0	821.0	409.9	471.2	622.5	206.3	202.6
V9	ko00072	Metabolismo	Met. Lip	Síntesis y degradación de cuerpos cetónicos	395.6	569.8	141.1	310.3	2,464.8	363.3	1,201.7	465.1	976.3	1,323.4	532.7	630.1	1,616.9	773.3	934.1	1,108.3	371.9	358.7
V9	ko00100	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Esteroides	3.7	2.6	1.6	1.4	14.8	2.2	0.0	0.0	0.0	25.3	8.2	12.5	31.0	13.9	15.9	1.1	0.2	0.0
V9	ko00120	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos biliares primarios	4.6	28.9	4.4	4.3	146.1	12.1	32.6	14.5	3.7	23.7	9.0	4.6	33.3	25.6	3.4	49.5	11.4	11.0

V9	ko00121	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de Ácidos biliares secundarios	41.3	260.0	40.0	38.7	1,314.7	109.3	293.3	130.7	33.3	213.3	81.3	41.3	300.0	230.7	30.7	445.3	102.7	98.7
V9	ko00130	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de ubiquinona y otros quinona-terpenoides	254.8	319.9	85.4	194.1	1,424.9	214.6	857.6	343.5	674.8	593.5	221.1	266.4	748.1	360.8	428.2	704.2	222.4	221.7
V9	ko00140	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de hormonas esteroidales	10.7	12.1	4.7	7.1	67.0	8.9	11.5	4.2	4.1	39.5	11.7	17.3	52.5	23.8	26.6	34.0	9.5	9.6
V9	ko00190	Metabolismo	Met. Energ	Fosforilación oxidativa	146.6	188.4	43.5	98.2	715.8	109.0	444.8	172.7	337.5	366.3	137.2	167.1	466.0	215.9	257.0	338.3	112.1	104.2
V9	ko00195	Metabolismo	Met. Energ	Photosynthesis	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	263.5	102.4	117.2	0.0	0.0	0.0	0.0	84.2	0.0
V9	ko00230	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Purinas	243.5	315.0	67.3	152.2	1,249.8	177.8	760.5	282.3	550.5	531.0	196.7	231.8	694.8	327.4	379.3	588.0	186.1	169.4
V9	ko00240	Metabolismo	Met. Nucleo	Metabolismo de Pirimidina	293.8	383.9	77.6	176.2	1,438.9	208.3	891.9	325.2	628.8	618.6	232.4	269.0	812.7	382.1	438.5	689.8	218.6	197.6
V9	ko00250	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Alanino, Aspartato y Glutamato	389.4	503.6	110.2	253.4	1,948.5	290.2	1,207.8	456.1	912.6	906.8	349.1	409.8	1,173.7	547.6	651.1	915.5	299.5	276.4
V9	ko00260	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Gliina, Serina y Treonina	351.5	427.1	103.9	230.5	1,700.2	258.7	996.2	372.6	757.5	837.9	311.2	382.2	1,094.3	496.0	610.3	867.2	274.3	259.0
V9	ko00270	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de GCisteína y Metionina	343.6	413.2	95.7	223.9	1,691.9	248.4	1,024.9	384.9	782.0	724.1	263.8	321.6	993.6	446.5	553.2	855.8	266.4	251.3
V9	ko00280	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Valina, Leucina e Isoleucina	242.1	348.3	76.7	179.1	1,389.9	213.4	769.3	293.1	615.8	722.5	304.5	344.4	840.3	421.7	494.6	602.3	205.2	196.9
V9	ko00281	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Degradación de Geraniol	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	849.3	333.1	698.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	222.4
V9	ko00290	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Valina, Leucina e Isoleucina	576.6	731.5	159.6	369.5	2,750.6	420.3	1,696.3	617.7	1,232.9	1,275.6	485.3	570.8	1,655.2	760.2	932.2	1,398.2	453.9	418.5
V9	ko00300	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de Lisina	368.4	478.5	99.3	229.0	1,759.8	263.2	1,091.3	399.1	792.4	843.3	321.8	380.8	1,093.8	507.9	606.2	841.7	273.0	249.0
V9	ko00310	Metabolismo	Met. AminoAcid	Degradación de Lisina	121.2	176.5	42.8	96.8	710.4	112.0	397.3	156.6	324.9	385.9	159.3	184.5	452.2	221.3	266.2	323.1	111.3	108.3
V9	ko00312	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	WNT3	60.5	54.6	12.5	24.1	182.8	27.8	69.8	10.8	16.4	73.5	14.6	25.5	138.0	46.9	66.0	148.0	42.5	37.1
V9	ko00330	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Arginina y Prolina	238.2	310.5	73.4	170.8	1,299.4	191.5	729.0	277.9	559.9	567.5	216.9	256.3	733.4	343.4	419.2	635.8	205.6	195.8
V9	ko00340	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Histidina	302.5	371.3	76.9	187.7	1,427.6	211.4	954.9	353.9	737.1	678.1	263.4	310.8	880.2	403.4	496.8	647.3	216.5	192.3
V9	ko00350	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Tirosina	169.5	187.7	57.5	117.1	935.0	131.4	384.8	143.2	267.7	396.7	125.4	170.3	537.7	243.3	296.7	503.3	151.0	148.5

V9	ko00360	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Fenilalanina	172.3	187.5	60.1	128.4	967.3	137.6	411.3	154.0	307.4	398.4	127.1	173.1	543.0	238.5	314.7	540.6	167.4	163.9
V9	ko00361	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Clorociclohexano y clorobenceno	50.2	51.1	21.1	43.9	378.1	45.6	119.9	46.4	91.9	108.5	26.5	42.5	168.2	70.4	97.7	211.9	63.0	61.8
V9	ko00362	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Benzoato	176.9	202.5	66.3	134.6	1,011.3	147.7	362.8	133.3	252.6	432.6	138.1	187.5	594.0	259.6	335.9	599.4	183.8	183.8
V9	ko00380	Metabolismo	Met. AminoAcid	Metabolismo de Triptófano	140.2	204.8	48.1	107.7	821.1	126.8	461.0	179.8	367.5	440.1	180.1	208.8	519.0	255.4	300.0	364.7	122.7	118.3
V9	ko00400	Metabolismo	Met. AminoAcid	Biosíntesis de tirosina y Triptófano	324.0	388.9	85.7	198.4	1,472.2	222.9	917.0	329.9	670.2	711.3	261.9	319.7	921.0	418.2	522.7	734.9	238.8	216.6
V9	ko00410	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Beta-Alanina	206.7	294.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	716.8	348.6	416.5	0.0	0.0	0.0
V9	ko00430	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Taurina e Hipotaurina	206.3	316.3	64.0	146.0	1,268.0	176.8	668.2	253.8	471.6	464.7	185.4	200.2	597.0	302.1	318.5	599.7	185.3	179.3
V9	ko00440	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Fosfonato y Fosfinato	89.0	98.1	29.1	60.3	456.2	65.3	212.6	77.8	147.5	198.5	60.2	84.5	273.9	118.2	151.4	259.9	78.5	74.8
V9	ko00450	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Seleniocompuestos	343.1	430.5	97.8	231.1	1,642.7	256.1	1,057.7	400.3	802.0	688.6	270.8	309.0	911.2	417.0	512.3	877.6	281.1	269.6
V9	ko00471	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Glutamina y D-Glutamato	477.2	655.0	122.7	281.0	2,317.8	337.5	1,455.4	529.5	1,023.3	1,049.2	406.8	467.2	1,385.3	657.2	727.5	1,057.3	333.7	306.0
V9	ko00472	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Arginina y D-Ornitina	12.0	31.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.0	6.0
V9	ko00473	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de D-Alanina	437.1	568.8	121.4	262.4	2,142.1	310.6	1,269.1	455.1	851.4	899.4	317.7	382.8	1,206.6	558.7	633.1	1,100.7	335.3	311.1
V9	ko00480	Metabolismo	Met. Amino-otros	Metabolismo de Glutatión	345.1	452.3	113.3	255.0	1,910.2	287.2	1,120.5	439.2	859.9	861.8	323.1	390.4	1,074.8	517.6	610.0	929.7	291.1	285.8
V9	ko00500	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Almidón y Sucrosa	241.2	267.1	71.7	146.4	1,143.9	167.2	587.6	203.7	370.5	432.6	128.0	172.5	623.8	269.9	330.9	686.6	202.4	193.1
V9	ko00510	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Metabolismo de N-Glicanos	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.2	0.0	0.0	5.5	3.0	1.9	0.0	0.0	1.5	0.0	2.7	0.0
V9	ko00511	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Degradación de otros Glicanos	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	135.1	46.5	67.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	46.3
V9	ko00520	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de azúcares y otros azúcares nucleótidos	252.8	303.7	70.9	150.3	1,216.4	176.3	699.9	247.8	461.6	486.2	162.4	200.7	659.5	300.5	349.6	658.1	199.4	184.3
V9	ko00521	Metabolismo	Biosin-Met Sec-otros	Síntesis de Estreptomicina	347.0	500.5	97.7	237.3	1,879.3	276.0	1,140.0	411.0	769.4	666.6	266.6	274.8	786.9	400.8	442.2	993.1	317.9	288.9
V9	ko00540	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de lipopolsacáridos	344.8	497.6	112.9	278.7	1,912.1	303.6	1,257.1	504.2	1,028.5	908.8	377.2	433.6	1,067.7	532.3	646.8	884.7	297.8	299.7

V9	ko00550	Metabolismo	Met.Biosin-Glicanos	Biosíntesis de Peptidoglicanos	459.7	618.9	131.5	295.0	2,339.0	344.9	1,388.1	519.6	1,006.6	1,059.9	403.6	474.6	1,402.9	657.6	750.7	1,113.5	351.8	332.9
V9	ko00561	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Glicerolípidos	187.4	227.4	63.5	125.5	993.4	145.2	440.5	160.9	288.2	456.2	149.5	196.7	604.5	275.7	324.0	545.1	163.7	159.8
V9	ko00562	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Inositol-fosfato	115.0	137.0	40.5	86.0	622.3	94.1	250.7	90.0	171.2	269.5	90.5	117.0	349.9	157.2	203.9	373.8	116.4	114.8
V9	ko00564	Metabolismo	Met. Lip	Met. Lip Glicerofosfato	198.7	243.0	62.3	135.9	1,039.4	151.7	593.7	228.8	443.4	460.4	160.8	204.1	612.8	281.8	335.9	515.8	159.3	154.1
V9	ko00600	Metabolismo	Met. Lip	Metabolismo de Esfingolípidos	45.0	52.5	16.2	28.3	251.3	34.1	0.0	0.0	0.0	98.2	25.3	37.5	135.0	60.2	68.7	154.9	43.7	0.0
V9	ko00620	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Piruvato	405.9	530.5	122.3	278.8	2,161.3	318.4	1,242.8	468.0	928.1	941.7	355.6	420.3	1,204.3	567.5	675.6	1,074.3	341.3	323.0
V9	ko00621	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Dioxina	153.2	153.8	50.6	95.9	792.7	107.7	0.0	0.0	0.0	306.2	76.5	120.2	429.8	183.5	234.6	487.5	141.9	0.0
V9	ko00626	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Naftaleno	136.8	191.4	46.2	88.9	807.9	115.0	0.0	0.0	0.0	414.9	154.2	186.8	497.3	250.6	264.4	355.3	107.2	0.0
V9	ko00627	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Aminobenzoato	95.7	110.2	34.1	66.8	531.1	76.1	182.8	62.9	114.1	237.5	74.8	101.8	320.3	142.0	176.7	308.5	92.9	91.0
V9	ko00630	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Glioxilato y dicarboxilato	268.7	321.2	87.0	195.3	1,470.5	213.8	782.2	303.2	620.0	666.0	240.2	302.9	881.1	401.0	503.9	720.0	231.1	223.1
V9	ko00633	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Degradación de Nitrotolueno	60.3	54.6	23.6	43.9	313.0	45.2	221.7	94.0	183.1	197.6	62.0	88.7	265.1	109.1	150.5	139.9	49.9	40.5
V9	ko00640	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Propanoato	276.7	388.2	84.6	194.3	1,513.4	228.4	891.6	337.7	684.7	724.0	293.2	334.6	898.0	433.1	507.1	696.8	231.0	218.6
V9	ko00650	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo de Butanoato	323.1	395.9	108.3	231.9	1,756.6	260.8	919.2	350.6	695.5	837.0	301.7	377.2	1,075.4	493.2	601.9	902.5	288.1	275.4
V9	ko00660	Metabolismo	Met. Carb	Metabolismo C5-Branched dibasic acid	571.4	704.3	172.2	391.6	2,838.5	439.2	1,723.6	643.4	1,298.0	1,323.4	498.1	596.7	1,685.7	775.8	975.2	1,468.7	478.8	450.9
V9	ko00670	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	One carbon pool by folate	409.9	547.9	112.5	263.6	2,071.2	305.5	1,306.1	492.0	995.2	975.7	382.3	446.2	1,267.5	597.3	690.4	928.5	301.4	281.1
V9	ko00680	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Metano	139.1	166.7	39.1	86.3	681.3	98.8	397.9	147.8	292.6	319.4	117.1	139.2	413.6	186.7	236.1	334.2	113.7	97.8
V9	ko00710	Metabolismo	Met. Energ	Fijación de Carbono en organismos fotosintéticos	373.4	452.2	109.3	245.6	1,861.4	272.9	1,130.8	427.8	839.5	777.9	272.7	340.0	1,063.2	480.0	589.9	949.1	296.7	281.9
V9	ko00720	Metabolismo	Met. Energ	Ruta de Fijación de Carbono en procariotas	355.9	471.1	0.0	0.0	0.0	0.0	1,114.3	0.0	0.0	933.0	363.5	430.8	1,163.7	551.4	650.3	0.0	278.4	260.2
V9	ko00730	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Tiamina	344.2	484.2	103.7	230.8	1,826.7	268.7	1,139.0	438.9	867.0	837.5	335.2	378.5	1,091.3	512.4	587.8	860.1	282.4	263.5
V9	ko00740	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Riboflavina	251.5	311.3	84.4	184.1	1,447.9	204.2	739.0	291.0	577.1	641.8	227.6	289.1	859.6	394.3	482.5	690.9	217.9	212.0
V9	ko00750	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Vitamina B6	386.2	499.6	117.7	274.2	1,968.7	305.8	1,282.5	496.7	1,003.1	909.2	350.9	416.8	1,150.9	540.7	658.9	967.0	314.0	302.6

V9	ko00760	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Nicotina y nicotinamida	301.7	396.3	90.5	202.9	1,528.3	234.2	938.0	356.1	701.0	748.9	289.7	344.3	932.0	444.8	518.8	745.5	238.2	227.6
V9	ko00770	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Pantotenato y CoA	457.5	590.9	130.8	302.4	2,317.9	343.7	1,412.9	525.2	1,046.7	1,019.4	386.8	456.2	1,328.1	619.0	744.7	1,145.4	364.8	342.7
V9	ko00780	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de Biotina	413.5	550.8	131.4	298.7	2,175.6	335.9	1,389.5	546.8	1,103.3	1,125.3	439.9	526.3	1,361.8	654.3	797.7	982.1	330.7	315.9
V9	ko00785	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Metabolismo de ácido lipoico	342.3	466.5	113.2	271.3	1,971.4	297.2	1,224.1	496.8	1,014.9	964.8	392.0	460.3	1,212.8	574.5	672.8	890.5	287.5	275.3
V9	ko00790	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Folato	374.0	458.4	105.7	236.7	1,819.5	274.2	1,117.7	413.2	842.7	933.2	349.6	430.2	1,128.5	540.1	642.1	842.6	269.2	250.7
V9	ko00860	Metabolismo	Met. Vit. Co-Fac	Biosíntesis de Porfirina y clorofila	174.5	199.8	56.1	124.8	920.4	134.6	472.5	185.5	379.5	423.3	150.5	192.5	589.2	258.6	334.9	459.7	149.1	144.2
V9	ko00900	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de esqueleto Terpenoide	323.9	461.9	92.0	213.9	1,706.4	253.1	1,030.0	383.7	758.8	796.1	323.2	363.1	1,016.1	485.3	556.3	781.6	257.8	237.9
V9	ko00906	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Carotenoides	0.0	0.7	0.0	0.8	0.0	0.0	0.0	0.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
V9	ko00908	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de Zeatina	119.3	163.8	30.7	70.3	579.5	84.4	363.9	132.4	255.8	262.3	101.7	116.8	346.3	164.3	181.9	264.3	83.4	76.5
V9	ko00910	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Nitrógeno	194.1	238.5	60.6	138.9	1,032.8	151.5	650.3	257.7	510.7	433.9	156.3	192.4	574.8	263.8	323.0	505.8	161.7	153.6
V9	ko00920	Metabolismo	Met. Energ	Metabolismo de Sulfuros	293.0	359.8	82.6	205.5	1,483.3	224.1	996.5	385.4	787.9	614.7	239.5	278.8	800.2	371.5	456.2	721.3	233.0	220.7
V9	ko00970	Proc.Inf.Gen	Translación	Biosíntesis Aminoácil t-RNA	394.9	542.9	106.0	237.4	1,956.7	284.7	1,177.7	429.1	825.2	916.0	353.0	407.0	1,180.7	559.6	635.6	904.6	292.5	263.7
V9	ko00983	Metabolismo	Met. Deg. Xeno	Metabolismo de drogas y otras enzimas	304.3	356.8	78.6	173.0	1,422.8	201.8	874.3	320.5	612.7	552.8	189.3	231.5	819.5	364.0	420.4	709.5	214.4	198.4
V9	ko01040	Metabolismo	Met. Lip	Biosíntesis de ácidos grasos insaturados	199.1	262.6	60.9	137.9	1,038.6	162.1	634.1	242.1	496.0	534.7	215.3	249.4	635.1	310.6	363.7	474.9	159.8	150.9
V9	ko01051	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de ansamicina	1,165.3	1,290.5	390.5	808.7	5,699.7	868.4	2,972.1	1,120.2	2,087.6	2,313.3	703.3	976.3	3,470.5	1,443.7	1,888.7	3,477.3	1,048.7	1,047.7
V9	ko01053	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de péptidos sideróforos no-ribosomales	55.1	51.0	21.5	43.7	274.3	43.8	180.7	74.7	140.7	95.6	22.6	38.4	148.5	58.5	82.2	182.6	53.6	55.6
V9	ko01055	Metabolismo	Met. Terp-Poli	Biosíntesis de vancomicina	381.5	623.0	107.7	268.7	2,406.0	329.8	1,502.5	547.7	1,010.3	737.5	318.2	291.5	792.3	454.8	437.2	1,151.7	370.3	324.7
V9	ko02010	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Transportadores ABC	310.1	361.6	106.8	224.9	1,628.7	244.1	819.7	310.0	594.5	687.1	223.4	297.4	953.7	414.8	532.8	941.8	289.0	285.5

V9	ko02020	Proc.Inf.Amb	Transd. Señal	Sistema de dos componentes	181.8	229.4	57.2	132.0	977.1	146.8	579.1	223.1	451.6	398.3	149.6	178.5	526.1	243.6	301.5	501.2	160.1	156.6
V9	ko02030	Procesamien to celular	Motilidad celular	Quimiotaxis Bacteriana	357.3	561.0	75.4	263.2	2,197.1	299.1	1,865.6	737.3	1,663.2	554.6	326.4	274.9	751.1	407.1	475.7	750.7	271.2	254.7
V9	ko02040	Procesamien to celular	Motilidad celular	Ensamblaje flagelar	223.2	379.5	41.1	153.2	1,128.0	181.2	1,180.7	466.6	1,018.8	327.1	215.8	170.2	447.4	243.5	263.2	371.5	149.0	146.8
V9	ko02060	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema fosfotransferasa (PTS)	300.2	297.5	102.1	202.5	1,430.8	216.3	601.8	200.7	350.1	523.9	125.4	201.3	747.7	306.4	421.1	1,007.5	294.3	289.7
V9	ko03008	Proc.Inf.Gen	Traducción	Biogénesis de Ribosomas en eucariotes	19.7	27.0	5.7	14.0	113.7	15.9	72.2	28.2	57.6	55.7	23.1	24.9	62.7	30.4	41.0	47.1	18.5	14.2
V9	ko03010	Proc.Inf.Gen	Traducción	Ribosoma	356.9	488.5	91.1	209.5	1,722.9	251.5	1,095.0	398.2	771.4	796.1	311.3	353.4	1,032.0	489.4	553.2	784.7	254.6	226.6
V9	ko03013	Proc.Inf.Gen	Traducción	Transporte de RNA	15.5	20.5	4.5	9.8	79.9	11.7	45.3	16.3	31.7	39.6	15.4	17.1	45.1	21.6	27.9	39.4	14.2	11.4
V9	ko03015	Proc.Inf.Gen	Traducción	Ruta de vigilancia de mRNA	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.5	0.8	0.5	0.0	0.0	1.2	0.0	0.7	0.0
V9	ko03018	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Degradació de RNA	158.4	221.2	44.5	107.6	855.7	124.8	547.1	209.3	418.6	364.7	148.2	164.7	460.3	224.0	256.7	383.4	126.4	116.6
V9	ko03020	Proc.Inf.Gen	Transcription	RNA polimerasa	170.5	233.0	40.6	102.4	802.3	120.0	539.3	201.5	406.4	338.2	144.8	153.2	497.9	224.0	261.0	362.5	122.3	111.6
V9	ko03022	Proc.Inf.Gen	Transcription	Factores de transcripción basal	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.7	4.2	2.7	0.0	0.0	3.8	0.0	3.8	0.0

V9	ko03030	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Replicación de DNA	307.4	405.5	81.7	188.3	1,541.5	220.1	919.7	336.9	657.4	656.5	247.1	288.1	870.5	409.1	469.1	727.2	230.3	211.0
V9	ko03050	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Proteasoma	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.3	1.8	1.2	0.0	0.0	2.1	0.0	1.7	0.0
V9	ko03060	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Exportación de proteínas	372.0	501.0	101.2	233.2	1,843.9	272.9	1,136.6	421.4	825.2	863.0	336.0	387.7	1,089.7	521.2	598.6	852.1	278.7	254.7
V9	ko03070	Proc.Inf.Amb	Transp Memb	Sistema bacteriano de excreción	325.4	428.7	99.8	231.5	1,664.6	259.4	996.3	383.4	762.8	706.7	272.6	317.3	898.9	422.8	517.1	890.9	287.8	283.1
V9	ko03410	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de bases	240.7	327.7	67.7	153.4	1,266.9	181.1	729.6	269.0	515.8	539.8	204.8	236.1	693.8	332.8	377.0	602.9	190.9	175.7
V9	ko03420	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Reparación de excisión de nucleótidos	150.1	205.4	38.7	88.9	771.2	106.8	462.3	169.7	329.6	331.5	128.3	145.0	438.8	207.4	230.6	341.5	111.8	98.0
V9	ko03430	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Mismatch repair	408.8	530.1	109.9	249.7	2,027.3	290.5	1,222.6	450.6	885.6	883.5	329.5	391.8	1,187.2	552.2	634.9	957.5	300.0	277.8
V9	ko03440	Proc.Inf.Gen	Replic. Repar	Recombinación homóloga	382.5	503.2	103.0	237.0	1,897.4	276.8	1,150.6	425.0	831.9	852.1	324.6	379.9	1,117.6	526.5	601.9	886.4	281.4	260.0
V9	ko04112	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Cell cycle - Caulobacter	345.2	481.7	93.6	218.7	1,757.2	259.1	1,081.5	397.3	780.1	792.1	314.9	355.5	1,001.3	483.4	547.5	814.8	264.1	242.9
V9	ko04122	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Sulfur relay system	406.2	581.3	123.0	294.2	2,216.5	338.6	1,421.7	547.6	1,120.0	1,043.8	434.9	487.3	1,245.4	612.1	729.9	1,016.8	347.2	325.2
V9	ko04141	Proc.Inf.Gen	Clasf. Pleg. Deg	Protein processing in endoplasmic reticulum	8.9	10.7	2.9	5.6	45.0	6.6	21.3	8.1	15.8	27.3	10.4	12.3	35.1	15.4	19.2	21.0	8.2	6.6

V9	ko04146	Procesamien to celular	Transp. Catabol	Peroxisome	85.9	102.3	25.8	54.7	434.6	64.5	255.9	97.4	198.8	250.9	93.2	117.4	304.3	145.7	170.2	178.5	57.6	53.2
V9	ko04210	Procesamien to celular	Crec.Cel.Muerte	Apoptosis	4.6	4.6	1.6	1.4	15.4	2.3	0.8	0.5	0.7	26.1	8.5	12.9	32.0	14.4	16.4	1.1	0.6	0.4
V9	ko04260	Sistema orgánico	Circulatory system	Cardiac muscle contraction	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	70.9	33.0	35.7	0.0	0.0	0.0	0.0	14.1	0.0
V9	ko04626	Sistema orgánico	Adaptación ambiental	Interacción planta- patógeno	66.0	86.3	18.4	43.4	332.9	49.8	198.2	75.1	149.8	135.4	52.8	60.7	183.1	86.2	100.7	163.1	51.9	50.8
V9	ko05111	Procesamien to celular	Comunidad celular- procariotes	Cicl.Patog.V. cholerae	111.2	144.5	25.7	73.3	550.4	84.3	389.4	146.9	314.5	187.3	86.7	86.9	229.6	121.9	140.8	244.5	80.8	80.0
V9	ko05120	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Señalización de células epiteliales en infección por Helicobacter pylori	36.5	37.8	10.9	23.5	173.9	25.3	104.9	40.4	81.7	79.0	25.7	35.0	115.2	48.7	62.5	88.1	27.5	25.9
V9	ko05142	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc- parasit	Infección de Chagas	4.8	3.7	1.4	3.1	20.1	3.2	14.2	5.6	11.0	0.0	0.0	0.0	10.3	4.3	0.0	12.2	0.0	3.6
V9	ko05143	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc- parasit	African trypanosomiasis	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15.9	4.0	6.2	0.0	0.0	13.8	0.0	8.5	0.0
V9	ko05150	Enfermedad es Humana	Enf. Infecc	Infección por Staphylococcus aureus	11.7	19.8	1.5	1.5	60.8	5.7	28.7	5.0	1.3	13.1	3.1	1.6	12.0	9.1	1.5	30.0	7.2	3.7

Tabla 18. Cantidad de especies bacterianas patógenas asignadas por HR, de muestras de mucosa anal de crías de lobo marino de California de la RGI (2018).

HR	CLASIFICACIÓN POR RDP software						CLASIFICACIÓN PPLACER	Cat.	LOBERAS					
	Phylum	Clase	orden	Familia	Género	especies	especies		Can	Col	Gra	Mac	Par	Ras
V2	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	P	0	0	23	0	0	0
V2	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	P	7	0	0	48	12	17
V2	Actinobacteriota	Actinobacteria	Micrococcales	Micrococcaceae	Kocuria	NA	NA	NP	0	29	0	0	0	0
V2	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	NA	NA	NP	0	0	0	0	77	25
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	16	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	87	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	0	0	92
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	28	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	24	0	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	18	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	33	0	0	0	0	37
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	0	0	51
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	0	74	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	61	0	0	56	35	56
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	29	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	13	0	0	0	16	7
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	37	0	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	27	0	0	0	15	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	44	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	23	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	128	0	0	147	120	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	0	84	186
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	Odoribacter	NA	NA	NP	12	0	0	0	17	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	0	21	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	H1	NA	NA	NP	0	0	54	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	P	0	20	300	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	P	0	0	81	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	P	0	0	29	0	0	0

V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	0	0	0	0	0	45
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	0	0	0	0	22	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	33	0	0	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	21	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	0	44
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	41	0	0	15	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	29	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	NA	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	NC	0	5	239	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	115	0	0	0
V2	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	108	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	28	0	0	19	29	72
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter rectus</i>	P	11	87	258	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter rectus</i>	P	0	26	0	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter rectus</i>	P	0	0	70	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter lari</i>	P	0	0	0	17	0	3
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	0	15	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	232	0	52	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	141	55
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	0	46	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	37	0	0	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	pinnipediorum	<i>Campylobacter pinnipediorum</i>	NP	0	36	88	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	<i>Helicobacter cinaedi</i>	P	63	0	0	0	0	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	181	0	0	14	153	124
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	15

V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Wolinella	NA	<i>Helicobacter cinaedi</i>	P	0	22	27	27	226	120
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Wolinella	NA	<i>Helicobacter cinaedi</i>	NC	0	0	0	0	30	0
V2	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Wolinella	NA	<i>Helicobacter cinaedi</i>	NC	34	0	0	0	0	0
V2	Deferribacterota	Deferribacteres	Deferribacterales	Deferribacteraceae	Mucispirillum	NA	NA	NP	22	0	0	0	0	0
V2	Desulfobacterot a	Desulfovibrionia	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	NA	NA	NA	NP	22	0	0	0	5	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Catenisphaera	NA	NA	NP	75	2	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	71	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	27	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	19
V2	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	40
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	16	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	27	33	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	15	0	13	27	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	20	0
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus gallolyticus</i>	P	0	0	0	0	0	18
V2	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	NA	NP	0	0	61	0	0	0
V2	Firmicutes	Bacilli	NA	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	44	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_2	NA	<i>Clostridium_sensu_stricto_2</i>	NP	0	0	0	0	0	18
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_2	NA	<i>Clostridium_sensu_stricto_2</i>	NP	0	19	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_2	NA	<i>Clostridium_sensu_stricto_2</i>	NP	0	0	0	28	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_2	NA	<i>Clostridium_sensu_stricto_2</i>	NP	0	0	0	0	31	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	50	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	112	16
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	NA	NA	NP	0	6	0	43	0	11
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	NA	NA	NP	0	0	0	31	6	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	24	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	23	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	19	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	0	17

V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	27	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	18	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tuzzerella	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	32	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricocccaceae	Butyricoccus	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	15	0	0	13	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	129	0	0	0	117	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	30	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	66	0	0	0	46	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	0	22
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	UCG-002	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	18	0	0	0	28	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	UCG-005	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	23	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	UCG-005	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	85	0	0	0	17	10
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	0	17
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	21	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Negativibacillus	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	24	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Negativibacillus	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	21	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Anaerovoracaceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	17	0	0	0	0	2
V2	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Anaerovoracaceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	26	0	0	0	0	0
V2	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcaceae	Peptoclostridium	NA	<i>Paeniclostridium sordellii</i>	NC	14	0	0	0	6	16
V2	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Parvimonas	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	19	0	0	0
V2	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	70	0
V2	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	16	0	0	0
V2	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	24	0
V2	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	34
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	73	33	0	74	56	74
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	89	24	0	27	21	124
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	50	32	0	99	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	53	0	51	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	0	124	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	0	37	0	0

V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	0	79	0	115
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	22	138	0	168	66	247
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	85	0	0	30	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	34	0	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	0	114	0	113
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	31	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	NA	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	50	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	16	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	15	101	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	8	37	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	25	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	36	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	0	36	4	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	18	0	0	0
V2	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	19	0	0	0	0	0
V2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NP	18	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	15	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	0	16
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	0	17
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	15	0	0	0	0	4
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	17	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	35	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	18	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Alysiella	NA	<i>Moraxella bovis</i>	NC	0	0	30	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Conchiformibius	NA	<i>Moraxella bovis</i>	NC	15	60	792	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Conchiformibius	NA	<i>Moraxella bovis</i>	NC	0	0	71	0	0	0

V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	NA	NA	<i>Moraxella bovis</i>	NC	0	0	37	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	0	0	21	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	14	0	72	28	98
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	stercoricanis	<i>Sutterella stercoricanis</i>	P	0	15	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	coli	<i>Escherichia coli</i>	P	0	26	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Escherichia albertii</i>	P	172	88	0	0	0	244
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	0	0	0	143	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia albertii</i>	P	0	0	0	0	55	82
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia albertii</i>	P	149	75	0	0	0	169
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	420	0	184	155	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	0	98	0	390	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	881	0	552	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	137	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	0	66	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	45	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	0	0	0	0	0	97
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	150	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	Halomonas	NA	NA	NP	0	21	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	Halomonas	NA	<i>Moraxella catarrhalis</i>	NC	0	21	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	NA	NA	NP	0	110	96	0	0	0

V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	NA	NA	NP	0	105	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	NA	NA	NP	0	0	206	15	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	58
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	43	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	28	0	191	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	26	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	105	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	50	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	45	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	88	187	293	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	34	184	199	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	31	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	38	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	83	0	48	34	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	85	0	0	51	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	138	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	37	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	oris	NA	NP	0	254	222	0	102	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	oris	NA	NP	0	330	180	0	102	50
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Moraxella	NA	Moraxella osloensis	P	0	0	42	0	0	0

V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Moraxella	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	P	0	0	22	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Moraxella	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	P	0	285	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Moraxella	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	P	0	0	0	0	47	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	lutiphocae	<i>Psychrobacter lutiphocae</i>	NP	0	0	0	0	48	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	314	103	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	0	59	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	55	0	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	55	370	0	43	45	26
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	56	74	30	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	26	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	22	65	0	0	0	0
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	Azomonas	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	14	52	0	46	75	3
V2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	NA	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	48	84	0	136	109	36
V3	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	P	0	0	0	17	7	7
V3	Actinobacteriota	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioidaceae	Marmoricola	NA	NA	NP	0	26	0	0	0	0
V3	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	NA	NA	NP	0	0	0	15	0	0
V3	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	NA	NA	NP	18	0	21	0	351	81
V3	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Eggerthellaceae	Slackia	NA	NA	NP	5	0	0	0	11	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	33	0	0	0	72	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	22	0	83	13
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	0	0	0	80	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	0	0	0	0	118	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	0	0	0	0	33	117
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	57

V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	42
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	198	0	90	191	135	142
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	256	91	152	211	274	352
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	135	0	41	349	154	244
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	79	20	0	159	43	139
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	22	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	44	0	0	0	0	69
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	84	85	0	87	94	126
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	388	0	96	326	408	269
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	70	0	15	0	35	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	0	31	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	175	0	0	220	92	251
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	NP	0	0	11	0	35	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	Odoribacter	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	39	0	9	0	31	12
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	Odoribacter	NA	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	NC	0	0	0	3	38	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	NA	NP	0	7	16	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	NA	NP	0	6	169	0	0	11
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	19	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	NC	0	119	0	0	0	26
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	NC	0	42	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	0	38	49	245
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	0	0	0	136
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	0	0	0	174
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	57	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	70	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	35	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	120	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	60	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	73	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	59	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	0	0	0	31	0	26

V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	0	0	0	0	34	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	0	0	0	0	0	31
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	48	0	0	0	226	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	0	0	66	0	0	68
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	15	25	96
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	90	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	25	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	23	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	147	0	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	NA	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	31	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Rikenellaceae_RC9_gut_group	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	0	0	24	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Bergeyella	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	P	0	0	63	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Bergeyella	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	P	22	257	112	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Bergeyella	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	P	0	90	417	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Bergeyella	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	P	0	0	128	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Bergeyella	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	P	0	0	43	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Bergeyella	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	P	0	0	23	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Bergeyella	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	P	0	0	114	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Moheibacter	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	0	71	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	31	0	75	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	6	70	0	13	10	8
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	0	24	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	0	19	0	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	50	0	124	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	0	0	27	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	NC	0	0	34	0	0	0
V3	Bacteroidota	Bacteroidia	NA	NA	NA	NA	NA	NP	0	62	0	0	0	0
V3	Campylobacterota	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	blaseri	<i>Campylobacter blaseri</i>	NP	19	221	0	67	121	74
V3	Campylobacterota	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	blaseri	<i>Campylobacter blaseri</i>	NP	0	54	0	10	0	17

V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter fetus</i>	P	0	61	105	0	0	0
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter fetus</i>	P	0	17	0	0	0	0
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter fetus</i>	P	0	0	23	0	0	0
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter jejuni</i>	P	0	0	0	15	0	0
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter ureolyticus</i>	P	0	0	0	0	28	0
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter ureolyticus</i>	P	0	0	61	0	0	0
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	21	0	0	0	0	53
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	muridarum	<i>Helicobacter muridarum</i>	P	122	0	0	0	0	0
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	189	0	170	0	318	305
V3	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	33	0	0	0	45	32
V3	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	Tumebacillus	NA	NA	NP	0	18	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	P	0	43	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	P	0	33	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	NA	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	0	40	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Ornithinibacillus	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	0	57	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Virgibacillus	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	0	66	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Merdibacter	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	0	0	0	0	52	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	0	0	0	0	0	29
V3	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	135	0	12	0	0	78
V3	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	21	0	0	0	0	29
V3	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	0	19	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	41	0	0	0	25	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	0	0	0	139	171	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	0	0	0	79	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	45	0	0	61	34	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	0	0	0	0	53	0

V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	6	23	0	68	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	NC	21	100	0	99	139	52
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Floricoccus	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	0	69	363	0	0	27
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Floricoccus	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	0	35	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Floricoccus	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	0	0	106	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	P	0	43	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	equinus	<i>Streptococcus equinus</i>	P	0	0	0	0	0	93
V3	Firmicutes	Bacilli	NA	NA	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	6	0	62	0	0	17
V3	Firmicutes	Bacilli	NA	NA	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	0	0	59	0	0	0
V3	Firmicutes	Bacilli	NA	NA	NA	NA	<i>Streptococcus equinus</i>	NC	0	0	29	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_1	NA	<i>Clostridium_sensu_stricto_1</i>	NP	0	0	0	0	0	17
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_3	NA	<i>Clostridium_sensu_stricto_3</i>	NP	0	0	47	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	NA	NA	<i>Clostridium fallax</i>	P	0	0	0	0	30	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	NA	NA	<i>Clostridium fallax</i>	P	26	0	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	NA	NA	<i>Clostridium fallax</i>	P	17	0	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	NA	NA	<i>Clostridium fallax</i>	P	0	34	0	24	118	129
V3	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	NA	NA	NA	<i>Clostridium fallax</i>	NC	0	0	0	0	0	203
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Defluviitaleaceae	Defluviitaleaceae_UCG-011	NA	NA	NP	0	15	11	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Anaerostignum	NA	NA	NP	0	0	18	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	GCA-900066575	NA	NA	NP	0	0	0	79	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	GCA-900066575	NA	NA	NP	0	0	0	35	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	GCA-900066575	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	71
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	24	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	32	0	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	99	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	18	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	27	0	0	0	0	41
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	43	0	0	0	0	49
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	41	0	0	32	431	186
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	20	0	0	0	150	72
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	83	0	0	0	0	0

V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	81	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	99	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Sellimonas	NA	NA	NP	23	0	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Sellimonas	NA	NA	NP	0	23	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Sellimonas	NA	NA	NP	0	0	80	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricoccaceae	Butyricoccus	NA	NA	NP	0	0	0	18	0	11
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricoccaceae	Butyricoccus	NA	NA	NP	0	0	0	18	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	0	17	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	57	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	NA	NP	81	0	0	0	0	51
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	NA	NP	585	20	77	32	446	166
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	NA	NP	16	0	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	<i>Clostridium baratii</i>	NC	46	0	0	19	0	13
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	20	0	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	10	0	0	0	8	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	24	0	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Fournierella	NA	NA	NP	0	0	0	0	23	12
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	NA	NA	<i>Clostridium baratii</i>	NC	96	0	0	0	0	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Paludicola	NA	<i>Clostridium perfringens</i>	NC	58	0	0	0	36	37
V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Anaerovoracaceae	NA	NA	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	NC	76	0	0	0	8	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcaceae	Intestinibacter	NA	<i>Paeniclostridium sordellii</i>	NC	0	0	0	0	0	39
V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcaceae	NA	NA	<i>Paeniclostridium sordellii</i>	NC	0	0	0	12	68	0
V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcaceae	NA	NA	<i>Paeniclostridium sordellii</i>	NC	72	0	65	0	0	107
V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcaceae	Peptostreptococcus	russellii	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	P	0	0	0	0	0	15
V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Anaerococcus	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	40
V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Helcococcus	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	0	0	0	0	0	27
V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Helcococcus	NA	<i>Parvimonas micra</i>	NC	18	0	0	0	0	0

V3	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Parvimonas	NA	<i>Parvimonas micra</i>	P	0	0	20	0	0	0
V3	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	11	0	0	0	33	48
V3	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	32	32	49	29	252	96
V3	Patescibacteria	Gracilibacteria	JGI_0000069-P22	NA	NA	NA	NA	NP	0	35	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacteriales	Acetobacteraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	30	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	NA	NA	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	NC	19	0	0	0	72	46
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	30	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	NA	NP	24	0	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	NA	NA	NA	NA	NP	16	91	850	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	NA	NA	NA	NA	NP	0	32	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	238	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	45	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	0	0	78	31	101
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	0	0	23	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	19
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	15	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Cardiobacteriales	Cardiobacteriaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	57	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	coli	<i>Escherichia fergusonii</i>	P	0	169	0	138	335	246
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Escherichia fergusonii</i>	P	604	1421	103	1069	1089	1284
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Escherichia fergusonii</i>	P	82	332	18	218	203	297
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	52	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	181	0	0	60	0

V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	122	67	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	52	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	56	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	36	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	32	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	172	406	517	0	83	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	339	169	89	0	86
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	96	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	63	75	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	184	369	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	18	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	96	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	139	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	oris	NA	NP	111	196	242	0	187	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Moraxella	NA	NA	NP	0	0	25	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	0	0	0	38	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	0	0	0	0	74	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	0	0	0	0	22	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	46	0	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	62	0	0	55	48	0

V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	79	329	30	91	73	18
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	10	49	0	20	0	9
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	0	52	0	0	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Psychrobacter osloensis</i>	P	56	69	0	0	357	29
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	38	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	Oblitimonas	NA	NA	NP	0	0	0	83	0	0
V3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	Oblitimonas	NA	NA	NP	49	131	0	238	228	109
V3	Spirochaetota	Brachyspirae	Brachyspirales	Brachyspiraceae	Brachyspira	NA	NA	NP	37	0	0	0	0	0
V3	Spirochaetota	Brachyspirae	Brachyspirales	Brachyspiraceae	Brachyspira	NA	NA	NP	0	0	0	0	19	0
V4	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	P	7	0	0	48	12	17
V4	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	P	0	0	23	0	0	0
V4	Actinobacteriota	Actinobacteria	Micrococcales	Micrococcaceae	Kocuria	NA	NA	NP	0	29	0	0	0	0
V4	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	NA	NA	NP	0	0	0	0	77	25
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	23	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	87	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	29	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	44	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	0	74	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	0	84	186
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	0	0	51
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	33	0	0	0	0	37
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	0	0	0	0	92
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	13	0	0	0	16	7
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	27	0	0	0	15	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	61	0	0	56	35	56
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	16	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	18	0	0	0	0	0

V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	28	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	24	0	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	128	0	0	147	120	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	P	0	37	0	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	Marinifilum	NA	NA	NP	0	0	0	21	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	Odoribacter	NA	NA	NP	12	0	0	0	17	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	H1	NA	NA	NP	0	0	54	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	P	0	20	300	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	P	0	0	81	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	P	0	0	29	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectu</i>	NC	0	0	0	0	63	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectu</i>	NC	0	0	0	0	22	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectu</i>	NC	0	0	0	0	0	45
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectu</i>	NC	33	0	0	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	21	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	0	44
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	41	0	0	15	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	NA	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	NC	0	5	239	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	108	0	0	0
V4	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	115	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter rectus</i>	P	11	87	258	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter rectus</i>	P	0	26	0	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter rectus</i>	P	0	0	70	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	0	15	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	0	0	17	0	3
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	141	55
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	28	0	0	19	29	72

V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	37	0	0	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	232	0	52	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	0	46	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	Campylobacter	pinnipediorum	<i>Campylobacter pinnipediorum</i>	NP	0	36	88	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	<i>Helicobacter cinaedi</i>	P	63	0	0	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	15
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	181	0	0	14	153	124
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Wolinella	NA	<i>Helicobacter cinaedi</i>	NC	0	0	0	0	30	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Wolinella	NA	<i>Helicobacter cinaedi</i>	NC	34	0	0	0	0	0
V4	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Wolinella	NA	<i>Helicobacter cinaedi</i>	NC	0	22	27	27	226	120
V4	Deferribacterota	Deferribacteres	Deferribacterales	Deferribacteraceae	Mucispirillum	NA	NA	NP	22	0	0	0	0	0
V4	Desulfobacterot a	Desulfovibrionia	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	NA	NA	NA	NP	22	0	0	0	5	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Catenisphaera	NA	NA	NP	71	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	27	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	40
V4	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	19
V4	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	75	2	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	27	33	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	20	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	15	0	13	27	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	16	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	P	0	0	61	0	0	0
V4	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus gallolyticus</i>	P	0	0	0	0	0	18
V4	Firmicutes	Bacilli	NA	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	44	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_2	NA	NA	NP	0	0	0	28	0	0

V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_2	NA	NA	NP	0	0	0	0	64	65
V4	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto_2	NA	NA	NP	0	0	0	0	31	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	112	16
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	50	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	NA	Parvimonas micra	NC	24	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	NA	NA	NP	0	0	0	31	6	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	NA	NA	NP	0	6	0	43	0	11
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	23	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	18	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	27	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	19	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	0	17
V4	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tuzzerella	NA	Parvimonas micra	NC	32	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricoccaceae	Butyricoccus	NA	Parvimonas micra	NC	15	0	0	13	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	0	36
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	Parvimonas micra	NC	44	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	Parvimonas micra	NC	30	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	NA	NA	NA	Parvimonas micra	NC	129	0	0	0	117	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	UCG-002	NA	Parvimonas micra	NC	18	0	0	0	28	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	UCG-005	NA	Parvimonas micra	NC	23	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	UCG-005	NA	Parvimonas micra	NC	85	0	0	0	17	10
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	NA	NA	Parvimonas micra	NC	0	0	0	0	0	17
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	NA	NA	Parvimonas micra	NC	21	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Negativibacillus	NA	Parvimonas micra	NC	24	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Negativibacillus	NA	Parvimonas micra	NC	21	0	0	0	0	0
V4	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Anaerovoracaceae	NA	NA	Parvimonas micra	NC	17	0	0	0	0	2
V4	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcaceae	Peptoclostridium	NA	Paeniclostridium sordellii	NC	14	0	0	0	6	16
V4	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Parvimonas	NA	Parvimonas micra	P	0	0	19	0	0	0
V4	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	70	0
V4	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	24	0

V4	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	34
V4	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	16	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	0	79	0	115
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	0	124	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	0	37	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	22	138	0	168	66	247
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	50	32	0	99	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	85	0	0	30	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	73	33	0	74	56	74
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	34	0	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	0	0	53	0	51	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	P	89	24	0	27	21	124
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	0	0	31	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Caviibacter	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	50	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	0	36	4	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	19	0	0	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	15	101	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	8	37	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	18	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	NC	0	0	36	0	0	0
V4	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	<i>Fusobacterium varium</i>	NC	0	0	16	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	35	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	17	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	18	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	15	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	0	16
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	0	0	0	0	0	17

V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i>	P	15	0	0	0	0	4
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Alysiella	NA	<i>Moraxella bovis</i>	NC	0	0	30	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Conchiformibius	NA	<i>Moraxella bovis</i>	NC	15	60	792	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Conchiformibius	NA	<i>Moraxella bovis</i>	NC	0	0	71	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	NA	NA	<i>Moraxella bovis</i>	NC	0	0	37	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	0	0	21	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	14	0	72	28	98
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Enterobacter	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	45	0	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	coli	<i>Escherichia albertii</i>	P	0	26	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Escherichia albertii</i>	P	172	88	0	0	0	244
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	0	0	0	143	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	420	0	184	155	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Enterobacter cloacae</i>	P	0	0	66	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia albertii</i>	P	0	0	0	0	55	82
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	137	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	0	0	98	0	390	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	0	16	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	Halomonas	NA	<i>Moraxella catarrhalis</i>	NC	0	21	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	NA	NA	NP	0	110	96	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	NA	NA	NP	0	105	0	0	0	0

V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	NA	NA	NP	0	0	206	15	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	43	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	38	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	88	187	293	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	31	0	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	26	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	58
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	34	184	199	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	28	0	191	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	138	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	83	0	48	34	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	37	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	105	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	85	0	0	51	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	50	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	45	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	oris	<i>Otariodibacter oris</i>	NP	0	254	222	0	102	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	oris	<i>Otariodibacter oris</i>	NP	0	330	180	0	102	50
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Moraxella	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	P	0	0	42	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Moraxella	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	P	0	0	22	0	0	0

V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	NA	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	26	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	lutiphocae	<i>Psychrobacter lutiphocae</i>	NP	0	0	0	0	48	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	314	103	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	0	59	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	55	0	0	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	55	370	0	43	45	26
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	56	74	30	0	0	0
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	NA	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	48	84	0	136	109	36
V4	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	NA	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	14	52	0	46	75	3
V6-7	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium pyogenes</i>	P	0	0	0	16	0	0
V6-7	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium pyogenes</i>	P	43	0	0	168	132	91
V6-7	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium pyogenes</i>	P	0	0	26	0	0	0
V6-7	Actinobacteriota	Actinobacteria	Frankiales	Geodermatophilaceae	Blastococcus	NA	NA	C	0	31	0	0	0	0
V6-7	Actinobacteriota	Actinobacteria	Frankiales	Geodermatophilaceae	NA	NA	NA	C	0	18	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	113	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	81	82	95
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	50	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	222	210	333
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	71	0	47
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	61	0	0

V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	0	0	115
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	0	0	92
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	0	0	32
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	0	0	89
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	81	31	0	0	91	59
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	0	0	0	0	49
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	145	0	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	39	0	0	0	50	80
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	94	0	0	59	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	47	0	0	0	0	62
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	29	0	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	37	0	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	502	228	125	835	864	956
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	0	75	0	157	165	363
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	111	62	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	<i>Bacteroides fragilis</i>	P	497	197	156	608	701	625
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	C	0	0	0	23	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	C	0	0	0	35	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	C	0	0	0	0	109	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	C	20	13	24	0	77	7

V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	NA	NA	C	37	11	0	42	120	13
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	Odoribacter	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	NC	28	0	0	0	70	9
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Marinifilaceae	Odoribacter	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	NC	0	0	0	0	21	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	495	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	229	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	91	0	0	314	328	93
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	87	0	0	501	586	179
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	NA	NA	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	61	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	H1	NA	NA	C	0	0	0	0	46	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	NA	NA	NA	C	0	0	44	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	P	0	0	0	0	0	20
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	P	0	83	604	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	0	0	62	258
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	48	0	0	20	0	80
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	59	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	44	42	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	144	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	<i>Porphyromonas levii</i>	P	0	0	146	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	NA	C	0	45	198	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	Porphyromonas	NA	NA	C	0	0	22	0	0	0

V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	28	0	0	14	111	81
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	11	0	7	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	Alloprevotella	NA	<i>Bacteroides tectus</i>	NC	0	6	0	0	74	41
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	73	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	68	68
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	35	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	37	58
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	43	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	0	0	0	0	0	18
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	61	0	0	18	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	NA	<i>Alistipes putredinis</i>	P	7	0	0	6	34	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	NA	NA	NA	C	0	0	47	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	NA	NA	NA	NA	C	0	89	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	NA	NA	NA	NA	C	0	108	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Capnocytophaga	NA	<i>Capnocytophaga cynodegmi</i>	P	0	17	23	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Capnocytophaga	NA	<i>Capnocytophaga cynodegmi</i>	P	0	0	32	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	NA	NA	<i>Capnocytophaga cynodegmi</i>	P	0	23	294	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	NA	NA	<i>Capnocytophaga cynodegmi</i>	P	0	29	196	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Salinimicrobium	NA	NA	C	0	18	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	0	0	18	0	0

V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	0	0	0	76	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	0	0	0	22	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	103	0	429	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	15	477	0	22	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	60	663	1498	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	45	0	147	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	212	0	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	445	755	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	138	641	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	186	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	72	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	57	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	59	183	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	43	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	50	971	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	24	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	21	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	142	0	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	35	352	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	0	389	0	0	14

V6-7	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	C	0	0	239	0	0	0
V6-7	Bacteroidota	Rhodothermia	Rhodothermales	Rhodothermaceae	NA	NA	NA	C	0	26	0	0	0	0
V6-7	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	0	0	0	0	19	0
V6-7	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	0	0	0	0	0	58
V6-7	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	25	0	0	0	0	0
V6-7	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	upsaliensis	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	0	0	0	0	39	73
V6-7	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	upsaliensis	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	30	0	0	0	0	0
V6-7	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	upsaliensis	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	0	39	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	P	0	60	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	NA	NA	<i>Bacillus anthracis</i>	P	0	44	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	NA	NA	NA	C	26	54	0	115	182	23
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	NA	NA	NA	C	0	27	0	103	165	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus gallolyticus</i>	P	0	0	0	0	0	26
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus gallolyticus</i>	P	0	0	0	0	0	60
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus intermedius</i>	P	0	189	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus intermedius</i>	P	0	0	312	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus intermedius</i>	P	0	0	154	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	NA	C	0	72	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	Mycoplasma	NA	<i>Mycoplasma felis</i>	P	9	23	37	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Bacilli	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	Mycoplasma	NA	<i>Mycoplasma felis</i>	P	4	0	18	0	0	0

V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	NA	NA	C	0	0	0	0	272	64
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Blautia	NA	NA	C	52	0	15	0	203	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	NA	NA	C	89	0	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	NA	NA	C	78	0	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	NC	0	0	0	0	46	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	NC	0	0	0	0	31	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Streptococcus iniae</i>	NC	0	0	0	0	0	124
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Streptococcus iniae</i>	NC	43	24	0	0	308	152
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Streptococcus iniae</i>	NC	0	11	0	0	107	58
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Streptococcus iniae</i>	NC	0	0	38	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	<i>Streptococcus suis</i>	NC	19	0	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	C	0	0	0	0	109	152
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	C	0	0	0	0	0	25
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	C	0	0	0	0	0	59
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	C	7	6	6	173	51	26
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	C	26	0	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tuzzerella	NA	<i>Streptococcus suis</i>	NC	67	0	0	0	0	24
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tuzzerella	NA	<i>Streptococcus suis</i>	NC	0	0	0	0	48	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tuzzerella	NA	<i>Streptococcus suis</i>	NC	0	0	0	0	0	25
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tuzzerella	NA	<i>Streptococcus suis</i>	NC	50	0	0	0	0	0

V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tyzzerella	NA	NA	C	0	0	0	101	0	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tyzzerella	NA	NA	C	25	0	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Anaerovoracaceae	NA	NA	<i>Streptococcus iniae</i>	NC	29	0	0	0	0	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Anaerovoracaceae	NA	NA	<i>Streptococcus iniae</i>	NC	75	0	0	0	26	0
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Anaerococcus	NA	NA	C	0	0	0	0	0	52
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Anaerococcus	NA	NA	C	0	0	0	0	0	19
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Helcococcus	NA	NA	C	0	0	0	0	0	35
V6-7	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Helcococcus	NA	NA	C	0	0	0	0	0	37
V6-7	Firmicutes	NA	NA	NA	NA	NA	NA	C	0	0	25	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	0	0	0	0	0	34
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	82	69	0	298	212	511
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	298	437	96	1105	623	1433
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	29	65	72	255	277	517
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	109	25	0	81	156	271
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	0	201	0	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	93	0	0	102	86	209
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	0	8	211	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	0	0	264	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	0	0	57	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	0	0	33	0	0	0

V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	C	87	0	0	489	274	763
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	NA	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	P	0	56	64	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	NA	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	P	0	37	21	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	NA	C	19	0	0	39	6	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	NA	C	18	0	0	31	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	NA	C	0	32	0	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	NA	C	0	0	199	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	NA	C	0	0	108	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	NA	C	0	0	53	0	0	0
V6-7	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	Oceanivirga	NA	NA	C	0	0	30	0	0	0
V6-7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	C	0	0	20	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Ahrensia	NA	NA	C	0	22	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	NA	NA	NA	C	0	18	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromonadales	Alteromonadaceae	NA	NA	NA	C	0	174	0	324	285	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	0	0	0	0	125	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	643	0	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	672	1530	86	146	118	129
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	0	1748	140	171	182	181
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Klebsiella	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	91	223	37	0	81	348
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Klebsiella	NA	<i>Escherichia coli</i>	P	74	193	0	0	38	331

V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia albertii</i>	P	0	0	0	0	79	93
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Klebsiella oxytoca</i>	P	0	0	0	17	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	NA	C	0	0	0	0	0	30
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Morganellaceae	Providencia	NA	NA	C	0	0	69	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Pectobacteriaceae	Sodalis	secondary	NA	C	0	0	21	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Escherichia albertii</i>	P	0	0	0	0	0	40
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	C	0	0	0	0	0	69
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	C	25	0	0	108	90	19
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	C	0	41	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	C	101	0	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	Modicisalibacter	NA	NA	C	0	16	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	<i>Providencia alcalifaciens</i>	NC	0	0	92	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	C	0	0	16	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	C	0	89	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	C	0	71	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	C	0	291	295	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Escherichia albertii</i>	NC	0	0	225	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Escherichia albertii</i>	NC	0	160	0	0	73	27
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Escherichia albertii</i>	NC	0	25	96	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Escherichia albertii</i>	NC	48	126	31	42	57	24

V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Providencia alcalifaciens</i>	NC	0	73	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Providencia alcalifaciens</i>	NC	0	16	0	0	23	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Providencia alcalifaciens</i>	NC	0	60	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	0	0	133	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	0	0	0	0	42
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	115	415	563	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	1018	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	178	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	120	0	0	193	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	121	0	0	360	89
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	242	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	34	0	0	25	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	C	0	0	109	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	oris	NA	C	230	0	3684	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	oris	NA	C	31	240	432	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	oris	NA	C	0	221	0	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Phocoenobacter	NA	NA	C	0	0	33	0	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Phocoenobacter	NA	NA	C	0	0	29	31	0	0
V6-7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Phocoenobacter	NA	NA	C	0	55	0	0	0	0
V8	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	P	63	0	0	0	0	0
V8	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	P	0	0	22	0	0	0

V8	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	38	0	0
V8	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	89	0
V8	Actinobacteriota	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinomycetaceae	Arcanobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	67
V8	Actinobacteriota	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioidaceae	Nocardioides	NA	NA	NP	0	34	0	0	0	0
V8	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	NA	NA	NP	0	0	0	0	120	0
V8	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	NA	NA	NP	0	0	0	0	73	0
V8	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	96
V8	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	64
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	23	0	0	0
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	NP	0	0	42	0	0	0
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	NP	12	0	125	0	0	0
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	NP	18	0	0	0	0	0
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	NP	0	23	0	0	0	0
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	NP	0	0	46	0	0	0
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	NP	0	0	19	0	0	0
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	NP	0	0	30	0	0	0
V8	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	Ornithobacterium	NA	NA	NP	0	0	33	0	0	0
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	concisus	<i>Campylobacter concisus</i>	P	8	36	42	0	0	0
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	insulaenigrae	<i>Campylobacter insulaenigrae</i>	P	0	0	0	7	6	10
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter rectus</i>	P	0	0	20	0	0	0
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	0	0	0	0	14	33
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	<i>Campylobacter upsaliensis</i>	P	45	0	0	0	0	0
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	0	0	19	0	0
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	69	68	0	0	62	29
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Campylobacteraceae	Campylobacter	NA	NA	NP	0	17	0	0	0	0
V8	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	0	0	16	0	0	0

V8	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	0	0	0	9	0	37
V8	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	42	0
V8	Campilobacterot a	Campylobacteria	Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	NA	NA	NP	36	0	0	0	0	0
V8	Deinococcota	Deinococci	Deinococcales	Deinococcaceae	Deinococcus	NA	NA	NP	0	16	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Paucislibacillus	NA	NA	NP	0	53	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	18	0	0	0	0	14
V8	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	85	0	7	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	NA	NA	NA	NP	107	0	0	15	40	75
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	38	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	42	52	0	140	143	15
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	NA	NA	NA	NP	0	13	0	16	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus equi</i>	P	0	0	116	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus equi</i>	P	18	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus equi</i>	P	0	61	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus equi</i>	P	0	15	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus equi</i>	P	0	0	181	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus gallolyticus</i>	P	0	0	0	0	0	85
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus gallolyticus</i>	P	0	0	0	0	0	19
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	<i>Streptococcus porcinus</i>	P	0	0	63	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	NA	NA	NP	0	0	21	0	0	0
V8	Firmicutes	Bacilli	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	Mycoplasma	NA	<i>Mycoplasma felis</i>	P	0	0	24	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Defluviitaleaceae	Defluviitaleaceae_UCG-011	NA	NA	NP	0	0	40	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	30	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	30
V8	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	Tuzzerella	NA	NA	NP	17	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricoccaceae	Butyricoccus	NA	NA	NP	22	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricoccaceae	Butyricoccus	NA	NA	NP	34	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricoccaceae	Butyricoccus	NA	NA	NP	33	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricoccaceae	Butyricoccus	NA	NA	NP	32	7	15	83	0	51
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Butyricoccaceae	Butyricoccus	NA	NA	NP	89	0	0	0	58	0

V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	175	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	21	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	23	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	20	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	34	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	NA	NA	NA	NP	154	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	20
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	NA	NA	NP	73	0	0	28	0	51
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Fournierella	NA	NA	NP	0	0	0	0	29	20
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Fournierella	NA	NA	NP	17	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	NA	NA	NA	NP	63	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	Negativibacillus	NA	NA	NP	79	0	0	0	0	0
V8	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Anaerococcus	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	28
V8	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales-Tissierellales	Peptostreptococcales-Tissierellales_fa	Helcococcus	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	29
V8	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	24	0
V8	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	28
V8	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	NA	NA	NP	46	6	37	19	125	68
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	P	0	0	0	0	0	18
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	P	0	0	0	0	0	15
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	P	0	0	0	0	0	24
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	P	0	30	23	0	0	0
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	P	0	11	173	0	0	0
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	P	0	0	50	0	0	0
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	37	0
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	30	0
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	42
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	56
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	0	0	0	0	0	42
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	33	0	0	179	0	0
V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	134	190	97	550	294	917

V8	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	NA	NA	NP	0	85	0	0	0	298
V8	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Pseudahrensia	NA	NA	NP	0	22	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	NA	NA	NA	NP	0	30	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	Anaerobiospirillum thomasi	P	57	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	Anaerobiospirillum succiniciproducens	P	0	0	0	43	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	Anaerobiospirillum succiniciproducens	P	81	0	0	0	124	161
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	Anaerobiospirillum succiniciproducens	P	0	0	0	0	19	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	NA	Anaerobiospirillum succiniciproducens	P	0	0	0	0	57	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Succinivibrionaceae	Anaerobiospirillum	succiniciproducens	Anaerobiospirillum succiniciproducens	P	0	0	62	89	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	NA	NA	Neisseria meningitidis	P	42	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Neisseria	NA	Neisseria meningitidis	P	0	0	94	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Neisseria	zalophi	Neisseria zalophi	NP	47	160	1336	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Neisseria	zalophi	Neisseria zalophi	NP	0	21	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	Neisseria	zalophi	Neisseria zalophi	NP	0	0	23	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	21	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	NA	NA	NP	0	29	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Sutterella	stercoricanis	Sutterella stercoricanis	P	0	0	43	94	64	167
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	Escherichia fergusonii	P	0	0	0	109	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	Escherichia fergusonii	P	0	0	0	0	86	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	Escherichia fergusonii	P	0	0	0	0	0	26
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	Escherichia fergusonii	P	0	875	0	0	485	922

V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella	NA	<i>Escherichia fergusonii</i>	P	528	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Escherichia fergusonii</i>	P	0	36	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	0	0	0	0	0	57
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	<i>Shigella dysenteriae</i>	P	0	44	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	192	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Salmonella	NA	<i>Escherichia fergusonii</i>	NC	87	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Salmonella	NA	<i>Escherichia fergusonii</i>	NC	0	366	0	0	200	397
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	NA	NA	NA	<i>Escherichia albertii</i>	NC	0	0	69	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	NC	0	0	0	35	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	NC	0	0	0	23	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	NC	0	0	0	0	43	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	NC	0	0	0	0	22	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	NC	97	173	0	103	30	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	NC	0	37	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	NC	0	88	0	154	84	100
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	Halomonas	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	NC	0	37	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	NA	NA	NP	0	0	0	0	31	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Actinobacillus	NA	NA	NP	0	83	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	<i>Actinobacillus equuli</i>	P	0	0	20	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	P	79	132	397	0	0	0

V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	P	22	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	P	45	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	P	0	109	0	0	98	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	P	0	0	61	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	216	0	46	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	129	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	19	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	0	0	37	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	44	118	0	0	0	35
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	NA	NP	0	0	208	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	NC	24	120	143	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	NC	53	80	369	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	NC	0	144	0	45	46	12
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	NC	0	246	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	NC	0	186	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	NC	0	0	29	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Otariodibacter	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	NC	0	0	255	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Phocoenobacter	NA	<i>Actinobacillus suis</i>	NC	0	59	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Moraxella	NA	NA	NP	0	0	53	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	NA	NA	NA	NP	0	0	0	20	0	0

V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	76	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	0	64	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	0	0	0	0	53
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	84	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	472	0	426	511	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	332	0	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	157	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	62	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	NA	<i>Moraxella osloensis</i>	NC	0	217	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Psychrobacter	sanguinis	<i>Psychrobacter sanguinis</i>	NP	0	0	52	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	Pseudomonas	NA	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	P	0	15	0	0	0	0
V8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	NA	NA	NA	NP	0	19	0	0	0	0
V9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Salmonella	NA	<i>Salmonella enterica</i>	P	132	4329	235	205	424	422
V10	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Salmonella	NA	<i>Salmonella enterica</i>	P	1	0	4	3	0	2
V11	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Salmonella	NA	<i>Salmonella enterica</i>	P	454	1135	271	676	733	1070
V12	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	21	0
V13	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	NP	0	0	0	0	26	0
V14	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	NP	40	45	364	0	0	0
V15	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	NP	0	413	612	0	133	73
V16	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	NP	0	24	49	0	41	21

V1 7	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	NA	NP	74	137	148 1	18	0	0
V1 8	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Salmonella typhi</i>	NC	40	80	0	231	235	0
V1 9	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Salmonella typhi</i>	NC	98	219	36	520	760	48
V2 0	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Salmonella typhi</i>	NC	0	0	153	0	0	0
V2 1	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Salmonella typhi</i>	NC	0	0	80	0	0	0
V2 2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA	NA	NA	NA	<i>Salmonella enterica</i>	NC	0	0	0	0	0	24