



**UNIVERSIDAD
INTERNACIONAL
SEK**

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

Trabajo de Fin de Carrera Titulado:

“DETERMINACIÓN DEL ONCOBIOMA PULMONAR A PARTIR DE DATOS PRODUCIDOS POR NGS”

Realizado por:

LINDA SOLEDAD CARRIÓN DELGADO

Director del proyecto:

ING. MANUEL ANDRÉS HERRERA YELA, MSc

Como requisito para la obtención del título de:

MAGISTER EN BIOMEDICINA

Quito, 9 de abril 2024

DECLARACIÓN JURAMENTADA

Yo, **LINDA SOLEDAD CARRIÓN DELGADO**, ecuatoriana, con cédula de ciudadanía N° 1103200612, declaro bajo juramento que la tesis titulada:

Determinación del oncobioma pulmonar a partir de datos producidos por NGS.

es de mi autoría, que no ha sido presentado anteriormente para ningún grado o calificación profesional, y se basa en las referencias bibliográficas descritas en este documento.

A través de esta declaración, cedo los derechos de propiedad intelectual a la UNIVERSIDAD INTERNACIONAL SEK, según lo establecido en la Ley de Propiedad Intelectual, reglamento y normativa institucional vigente.



Linda Soledad Carrión Delgado

C.C.: 1103200612

DECLARACIÓN DEL DIRECTOR DE TESIS

Declaro haber dirigido este trabajo a través de reuniones periódicas con el estudiante, orientando sus conocimientos y competencias para un eficiente desarrollo del tema escogido y dando cumplimiento a todas las disposiciones vigentes que regulan los Trabajos de Titulación.

Manuel Andrés Herrera Yela

MSc. En Biología Computacional

LOS PROFESORES INFORMANTES

José Rubén Ramírez Iglesias

Jorge Patricio Espinosa Espinosa

Después de revisar la tesis presentada, lo han calificado como apto para su defensa oral ante el tribunal examinador.

José Rubén Ramírez Iglesias, Ph.D.

Jorge Patricio Espinosa Espinosa, MSc.

Quito, 9 de abril de 2024

DECLARACIÓN DE AUTORÍA DEL ESTUDIANTE

Declaro que este trabajo es original, de mi autoría, que se han citado las fuentes correspondientes y que en su ejecución se respetaron las disposiciones legales que protegen los derechos de autor vigentes.



Linda Soledad Carrión Delgado

C.C.: 1103200612

Determinación del oncobioma pulmonar a partir de datos producidos por NGS

Linda Soledad Carrión¹, Andrés Herrera Yela (Tutor)²

¹ Maestría en Biomedicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Particular Internacional SEK, Quito 170302, Ecuador; lscarrion.mbme@uisek.edu.ec

² Grupo de Investigación en Biomedicina Experimental y Aplicada, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Particular Internacional SEK, Quito 170302, Ecuador; manuel.herrera@uisek.edu.ec

* Autor de Correspondencia: manuel.herrera@uisek.edu.ec

Resumen:

Antecedentes: En la búsqueda de mejores tratamientos para el diagnóstico oportuno y preventivo del cáncer pulmonar múltiples investigaciones se han desarrollado bajo un tópico muy interesante y poco estudiado al que hoy en día llamamos microbiota, compartida por todos los seres humanos, pero con respuestas independientes para cada individuo, verdaderas asociaciones microbianas que están en estrecha relación huésped-hospedador, capaces de inducir y modificar respuestas celulares. En la actualidad el microbioma pulmonar ha sido el menos estudiado y mediante técnicas masivas de secuenciación se ha analizado el ARN 16S bacteriano, tal es así que se ha descubierto la migración bidireccional desde el intestino hacia el pulmón de la microbiota local sugiriéndonos que la microbiota intestino-pulmón es dinámica y cambiante gracias a estímulos bacteria-bacteria-hospedador; hoy en día hay estudios que sugieren que el oncobioma pulmonar tiene especies bacterianas que pueden inducir a una progresión acelerada del cáncer. El objetivo de este estudio es caracterizar el oncobioma pulmonar mediante el análisis metagenómico de muestras de tejido pulmonar obtenidas de pacientes con adenocarcinoma, cáncer de células escamosas y sujetos sanos, utilizando datos de secuenciación de nueva generación (NGS) disponibles en la base de datos Sequence Read Archive (SRA) de NCBI. Además, se comparó la composición de la microbiota presente en estas muestras con la de la microbiota fecal de sujetos sanos y pacientes con cáncer de pulmón, con el fin de identificar posibles asociaciones entre la microbiota intestinal y pulmonar y el desarrollo del cáncer de pulmón. Este estudio proporcionará una comprensión más profunda de la microbiota asociada con el cáncer de pulmón, lo que podría tener implicaciones significativas para el diagnóstico, pronóstico y tratamiento de esta enfermedad. **Métodos:** Se utilizaron lecturas crudas de secuenciación de la sección SRA de NCBI provenientes de muestras de pulmón sano, con adenocarcinoma, cáncer escamoso, y muestras de heces de pacientes sanos y con cáncer de pulmón. Se aplicó un pipeline de análisis metagenómico en la plataforma Galaxy para determinar la microbiota relacionada a estas muestras, para la significancia estadística se usó la diversidad de Shannon y el Test- Kolmogorov-Smirnov. **Resultados:** El adenocarcinoma fue el tipo histológico más diverso es especies dentro de los dos tipos de cáncer de pulmón estudiados, se encontró también similitud y diferencia entre subespecies bacterianas y su diversidad tanto en muestras de pulmón sano como con cáncer. **Conclusiones:** Los resultados de este estudio revelaron la distintas asociaciones microbianas relacionada al adenocarcinoma, al cáncer escamoso así como las alteraciones de las mismas dentro del cáncer de pulmón además, se observó como la microbiota fecal está relacionada con este tipo de cáncer; estos hallazgos profundizan el conocimiento existente sobre el oncobioma pulmonar y permite perfilar algunos microorganismos como posibles marcadores para el diagnóstico oportuno de esta enfermedad.

Palabras clave: Oncobioma, Cáncer de pulmón escamoso, adenocarcinoma, secuenciación NGS, metagenómica.

Abstract:

Background: In the search for better treatments for the timely and preventive diagnosis of lung cancer, multiple investigations have been carried out under a very interesting and little-studied topic that today we call the microbiota, shared by all human beings, but with answers. independent for each individual, true microbial associations that are in close host-host relationship, capable of inducing and modifying cellular responses. Currently, the lung microbiome has been the least studied and through massive sequencing techniques, the bacterial 16S RNA has been analyzed, so much so that the bi-directional migration from the intestine to the lung of the local microbiota has been discovered, suggesting that the gut-lung microbiota is dynamic and changing thanks to bacteria-bacteria-host stimuli; Today there are studies

that suggest that the lung oncobiome has bacterial species that can induce accelerated cancer progression. The objective of this study is to characterize the lung oncobiome through metagenomic analysis of lung tissue samples obtained from patients with adenocarcinoma, squamous cell cancer and healthy subjects, using next generation sequencing (NGS) data available in the database. Sequence Read Archive (SRA) data from NCBI. Furthermore, the composition of the microbiota present in these samples was compared with that of the fecal microbiota of healthy subjects and patients with lung cancer, in order to identify possible associations between the intestinal and lung microbiota and the development of lung cancer. This study will provide a deeper understanding of the microbiota associated with lung cancer, which could have significant implications for the diagnosis, prognosis and treatment of this disease. Methods: Raw sequencing reads from the NCBI SRA section were used from healthy lung samples, adenocarcinoma, squamous cancer, and stool samples from healthy and lung cancer patients. A metagenomic analysis pipeline was applied on the Galaxy platform to determine the microbiota related to these samples. For statistical significance, Shannon diversity and the Kolmogorov-Smirnov Test were used. Results: Adenocarcinoma was the most diverse histological type of species within the two types of lung cancer studied; similarity and difference were also found between bacterial subspecies and their diversity in both healthy lung samples and those with cancer. Conclusions: The results of this study revealed the different microbial associations related to adeno-carcinoma, squamous cancer, as well as their alterations within lung cancer. In addition, it was observed how the fecal microbiota is related to lung cancer; These findings deepen the existing knowledge about the lung oncobiome and allow us to profile some microorganisms as possible markers for the timely diagnosis of this disease.

Keywords: Oncobiome, Squamous lung cancer, adenocarcinoma, NGS sequencing, metagenomics.

1. Introducción

El cáncer de pulmón (ca. Pulmón) es un problema de salud mundial debido a su alta prevalencia y mortalidad, que lo ubican como la principal causa de muerte oncológica en el mundo, es así que es prioritario crear y emplear nuevas estrategias para la detección temprana de esta mortal enfermedad que lleven a identificar esta neoplasia maligna en estadios tempranos dentro del diagnóstico al paciente (Travis et al., 2015a). El cáncer de pulmón de células no pequeñas (NSCLC) representa el 85% de las neoplasias malignas primarias del pulmón, el adenocarcinoma (AC) y el carcinoma de células escamosas (sqcc, por sus siglas en inglés) son los subtipos más diagnosticados dentro de la patología pulmonar, su diagnóstico es importante a la hora de usar medicina de precisión mediada por oncogenes ya que influye directamente en el tratamiento y la sobrevivencia del paciente (Neumann et al., 2022).

Las técnicas moleculares utilizadas en la actualidad, han transformado la detección del cáncer pulmonar, permitiendo un análisis detallado de la interacción entre diversos bio-actores moleculares implicados en la oncogénesis y progresión de las neoplasias pulmonares. Estos bio-actores incluyen la mutación en el gen del factor de crecimiento epidérmico (EGFR), los reordenamientos de la quinasa del linfoma anaplásico (ALK), el gen del receptor ROS1 (Travis et al., 2015a), el proto-oncogén RET, así como mutaciones en Tp53 y Kras (J. Zhao et al., 2019), y la mutación del BRAF (Zhang et al., 2017), entre otros. Sin embargo, un aspecto menos explorado pero de gran relevancia es el papel del microbioma humano. Cuando este experimenta disbiosis, es decir, una alteración en el equilibrio de la microbiota, puede influir negativamente en interacciones cruciales como la homeostasis local y las respuestas adversas al hospedero. Esto puede dar lugar a enfermedades crónicas e incluso potenciar la progresión del cáncer (Zheng et al., 2020). Por lo que es importante comprender el tipo de bacterias que habitan en nuestro organismo, su función en las respuestas inmunitarias, las enfermedades crónicas y su posible papel en la progresión del cáncer. La relación entre el cáncer y los microorganismos ha sido previamente evidenciada, un ejemplo es el *Helicobacter pylori*, una bacteria patógena carcinógena que puede causar enfermedades crónicas e impulsar el cáncer gástrico; también destaca *Salmonella spp*, asociada con la oncogenicidad y una posible inducción de cáncer biliar (Lohman et al., 2020).

En ese sentido, la microbiota intestinal es, probablemente, la más estudiada dentro de la microbiota comensal humana. Varios estudios han establecido una relación entre la microbiota intestinal y la

microbiota de las vías respiratorias, conformando el eje bidireccional intestino-pulmón, que participa en respuestas inmunológicas locales. Esta interacción sinérgica se ha observado en enfermedades pulmonares como el asma y la enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC), que suelen presentarse junto con enfermedades gastrointestinales como la enfermedad inflamatoria intestinal (EII) y el síndrome del intestino irritable (SII) (Budden et al., 2017). Por otra parte, el microbioma pulmonar, principalmente está compuesto por un conjunto de bacterias, virus, hongos y arqueas (Andréjak & Delhaes, 2015), (R. Li et al., 2024). Es razonable suponer que existe un microbioma "normal" que mantiene una relación equilibrada entre el huésped y el hospedero, hasta que algún estímulo altera esta relación y provoca una disbiosis. Además, hay evidencia que sugiere que varios factores, como la alimentación, el tabaco, el alcohol, la obesidad, la inflamación y las infecciones periodontales, pueden alterar considerablemente la microbiota, contribuyendo al desequilibrio, que puede ser un desencadenante en la progresión del cáncer (J. Chen et al., 2017).

En contraste con otros microbiomas, el microbioma pulmonar puede verse afectado por factores como: los cilios móviles, la tos, los surfactantes y los macrófagos alveolares, los cuales contribuyen al movimiento y la selectividad de microorganismos en el pulmón (R. Li et al., 2024). Según un estudio de O'Dwyer et al., estos mecanismos de selectividad y movimiento resultan en la exclusión, migración y crecimiento relativo de diversas especies dentro del pulmón, y cuando esta comunidad no se encuentra en un estado de homeostasis y se produce una disbiosis en el hospedero, puede surgir una nueva entidad denominada "oncobiotoma". La composición del oncobiotoma pulmonar se ha identificado mediante el uso de la Secuenciación de Nueva Generación (NGS), caracterizando las bacterias a través de la secuenciación del gen de la subunidad 16S del ARNr y un posterior análisis metagenómico (Natalini et al., 2023). La metagenómica permite identificar el vínculo generado entre las interacciones de las bacterias y su hospedero. Esta técnica ha revolucionado el estudio del microbioma, al ofrecer una gran cantidad de información sin la necesidad de cultivar microorganismos, incluyendo los niveles de abundancia relativa de cada especie identificada (Banerjee et al., 2015) (Saez, 2016). Los resultados obtenidos mediante NGS son fundamentales para este estudio, ya que ofrecen la posibilidad de establecer relaciones entre los oncobiotomas presentes en el adenocarcinoma (AC) y el cáncer de células escamosas (Sqcc). Además, proporcionan datos adicionales como la clasificación taxonómica y muestran un porcentaje de predominio del reino microbiano presente. El objetivo de este estudio fue caracterizar el oncobiotoma pulmonar a través del análisis metagenómico de muestras de tejido pulmonar obtenidas de pacientes con adenocarcinoma, cáncer de células escamosas y sujetos sanos, a partir de datos de secuenciación de la sección de Sequence Read Archive (SRA) de NCBI. Con esta información, se comparó la composición de la microbiota presente en las muestras pulmonares con la microbiota fecal de sujetos sanos y con cáncer de pulmón, para la identificación de implicaciones significativas para el diagnóstico, pronóstico y tratamiento de esta enfermedad.

2. Materiales y Métodos

a) Obtención de archivos crudos de secuenciación

Para esta investigación se obtuvieron lecturas crudas de secuenciación de la sección SRA de NCBI provenientes de muestras de pulmón sano, con adenocarcinoma, cáncer escamoso, y muestras de heces de pacientes sanos y con cáncer de pulmón, para determinar si existe una relación del eje intestino-pulmón, los archivos descargados se organizaron en cinco datasets:

1. FECAL CA. PULMON_24-03-24 consta de 19 archivos. Accession_numbers: SRR27302020, SRR27302022, SRR27302023, SRR27302024, SRR27302025, SRR27302026, SRR27302027, SRR27302028, SRR27302029, SRR27302030, SRR27302031, SRR27302032, SRR27302033, SRR27302034, SRR27302035, SRR27302036, SRR27302037, SRR27302038, SRR27302039.
2. PULMON_SANO_24-03-24 consta de 20 archivos. Accession_number: SRR15614386, SRR15614387, SRR15614388, SRR15614389, SRR15614390, SRR15614391, SRR15614392,

SRR15614393, SRR15614394, SRR15614395, SRR15614396, SRR15614397, SRR15614398, SRR15614399, SRR15614400, SRR15614401, SRR15614402, SRR15614403, SRR15614404, SRR1561440.

3. CA. ESCAMOSO_24-03-24 consta de 20 archivos. Accession_numbers: SRR13125633, SRR13125640, SRR13125650, SRR13125653, SRR13125663, SRR13125676, SRR13125679, SRR13125682, SRR13125686, SRR13125689, ERR3498983, ERR3498985, ERR3498986, ERR3498991, ERR3498994, ERR3498997, ERR3498999, ERR3499007, ERR3499019, ERR34990270.
4. ADENOCARCINOMA_24-03-24 consta de 20 archivos. Accession_numbers: SRR13125610, SRR13125611, SRR13125613, SRR13125614, SRR13125616, SRR13125617, SRR13125618, SRR13125620, SRR13125621, SRR13125623, SRR19450311, SRR19450313, SRR19450315, SRR19450317, SRR19450319, SRR19450321, SRR19450322, SRR19450324, SRR19450327, SRR19450329.
5. FECAL SANO_24-03-24 consta de 20 archivos. Accession_numbers: SRR26468727, SRR26468729, SRR26468730, SRR26468731, SRR26468732, SRR26468733, SRR26468734, SRR26468735, SRR26468736, SRR26468737, SRR26468738, SRR26468740, SRR26468741, SRR26468742, SRR26468743, SRR26468744, SRR26468745, SRR26468746, SRR26468747, SRR26468748).

b) Criterios de inclusión y exclusión de las muestras

Se trabajó con criterios de elegibilidad e inclusión de los archivos crudos de secuenciación, donde únicamente se seleccionaron: (I) muestras biológicas de origen humano que sean de (II) acceso público, que no necesiten el consentimiento informado del paciente ni la aprobación de un comité de bioética con carácter normativo o consultivo, (III) muestras de tejido pulmonar o lavado bronquial con cáncer de pulmón de origen escamoso y/o glandular y (IV) muestras de heces fecales de pacientes con cáncer de pulmón, (V) los controles negativos pertenecen a pacientes sanos (sin cáncer pulmonar); (VI) son ensayos de secuenciación de amplicones del ARN 16S realizados en el equipo MiSeq de Illumina.

c) Análisis metagenómico

Para el análisis de los archivos extraídos desde la base de datos SRA del NCBI, se trabajó con la plataforma Galaxy Australia (Galaxy Versión 3.0.10+galaxy0) (<https://usegalaxy.org.au/>). Se cargaron las muestras de los 5 datasets analizados con la herramienta **Download and Extract Reads in FASTQ**. Posteriormente, usando la herramienta **Concatenate datasets tail-to-head (CAT)** se unieron los archivos fastq Forward y Reverse de cada uno de los cinco dataset.

Se realizó un control de calidad de estos archivos con **FastQC**. Para posteriormente recortar las lecturas de baja calidad mediante **Trimmomatic**, utilizando un Phred score de 30, lo cual garantizó trabajar con una precisión de llamado de variantes del 99.99% (Caetano-Anolles, 2023). Se eliminaron las lecturas humanas con la ayuda de la herramienta **Bowtie2**, en donde se alineó las lecturas de secuenciación de todos los datasets frente al genoma de referencia humano Hg38, posteriormente se recuperó las lecturas no alineadas para continuar con el análisis. Es importante mencionar que en los datasets de ADENOCARCINOMA_24-03-24 y CA. ESCAMOSO_24-03-24, se realizó un segundo alineamiento frente a un archivo multifasta de oncogenes. Para la construcción de este archivo, se descargó de NCBI las secuencias en formato fasta de 14 oncogenes, cuyos números de acceso son: NC_000004.12, NC_000017.11, NC_000006.12, NC_000003.12, NC_000002.12, NC_000012.12, NC_000008.11, NC_000001.11, NC_000008.11, NC_000005.10, NC_000007.14, MW358920.1, NC_000009.12, NC_000003.12. Al igual que con los otros datasets, se recuperaron las lecturas no alineadas para continuar con el análisis metagenómico.

La asignación y clasificación taxonómica de las lecturas no humanas, se la realizó con **Kraken2**, donde se usó la base de datos de **Minikakren**, el archivo resultante de este análisis fue procesado con la herramienta **Convert kraken**, en donde se asignaron etiquetas taxonómicas con la base de datos de NCBI y se generó un gráfico de las clasificaciones y abundancias taxonómicas, hasta el nivel de subespecies, mediante un **Krona pie chart**. Finalmente, se obtuvo un archivo tabular de la clasificación taxonómica utilizando la herramienta **kraken-report**. Se obtuvo una estimación de abundancia final con la herramienta **Estimate Abundance at Taxonomic level**, para finalmente calcular el índice de alfa diversidad de cada dataset con la herramienta **Kraken tools: Calculate Alpha diversity**.

Análisis Estadístico:

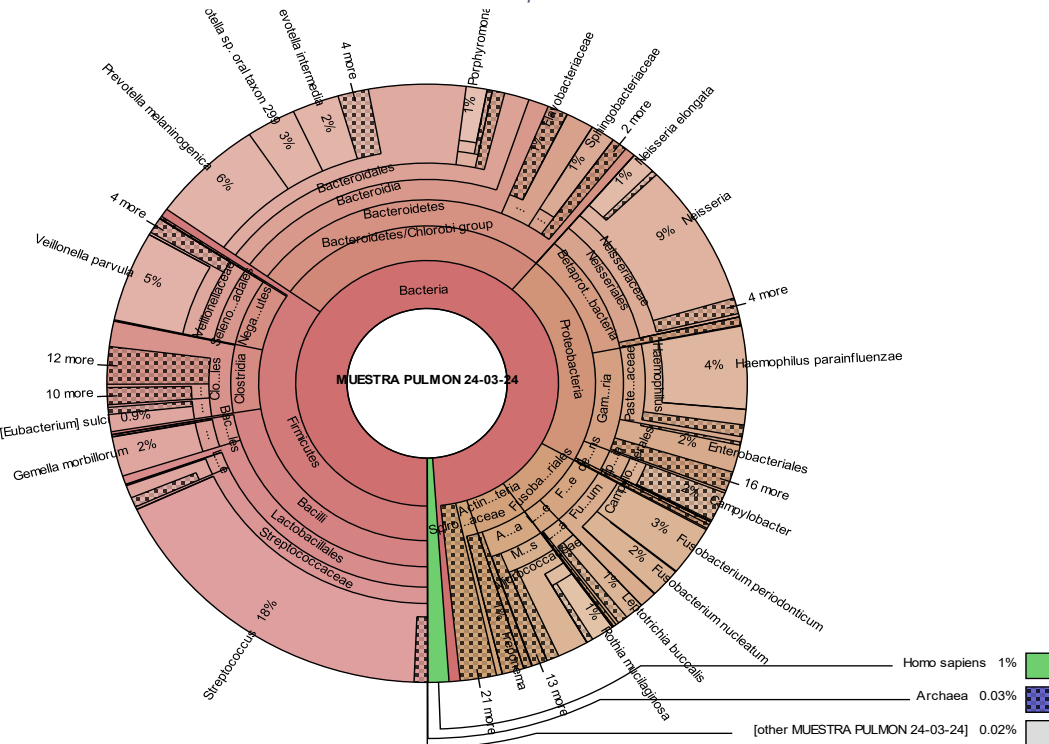
Se realizó una comparación de la distribución de frecuencias de los archivos de abundancia taxonómica obtenidos, para lo cual se utilizó la prueba de Kolmogorov-Smirnov (KS) para la comparación inter-muestral entre los diferentes datasets, con criterio de decisión para aceptar (o rechazar) las hipótesis de igualdad entre las distribuciones de frecuencias tomando como valor de significancia de NS = 0,05 (Nivel de confianza del 95%).

3. Resultados

Muestra: Pulmón sano:

Se identificó un total de 324 especies, en la Figura 1, se puede observar la conformación de la microbiota de un pulmón sano, donde la supremacía bacteriana se muestra con poco más del 98% del total de lecturas analizadas. La abundancia proporcional de las comunidades bacterianas muestra que el filo más predominante son los *Firmicutes* que ocupan el 30% del total de la composición bacteriana, destacándose las especies *Streptococcus Spp* y *Veillonella párvula*. Mientras que en el filo de *Bacteroidales* destacan *Prevotella melaninogenica* y *Prevotella spp*. *Oral taxon 299*.

Figura 1. Krona Pie Chart, Taxonomía de la microbiota del pulmón sano



En la Tabla 1, se observa la estimación taxonómica de la abundancia microbiana dentro del pulmón sano, en la fila de la fraction total reads, se evidencia que la mayor cantidad de reads identificados son para *Streptococcus pneumoniae*. (Tabla completa en ANEXO 1).

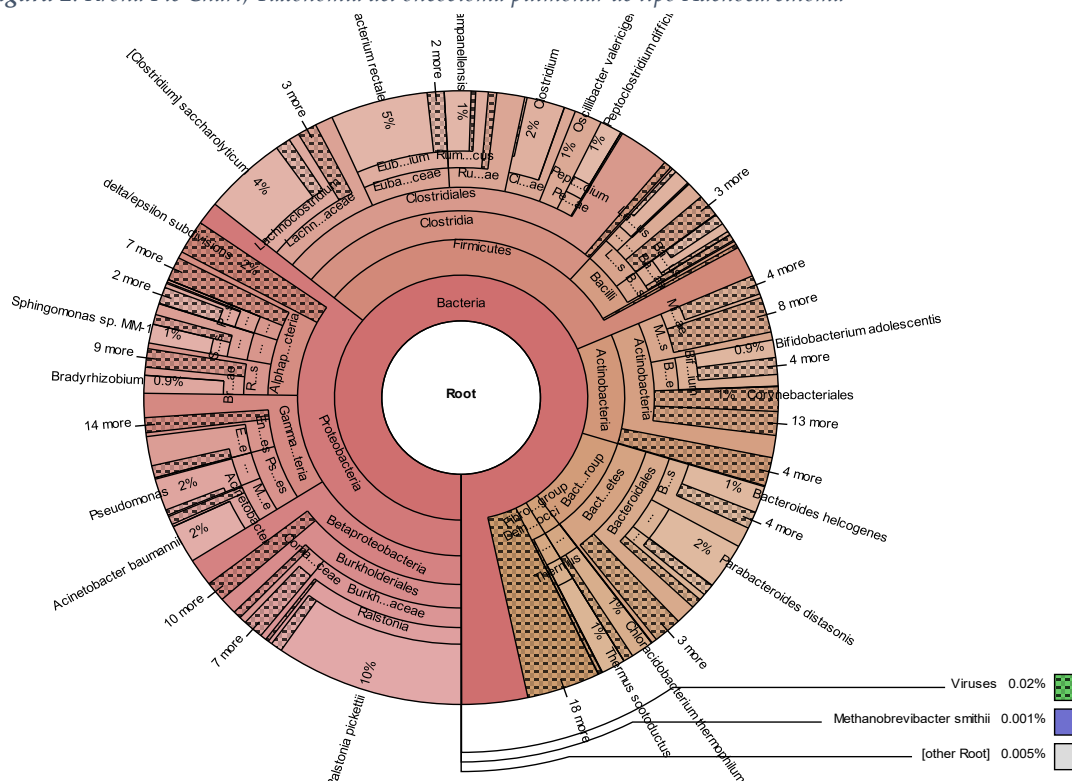
Tabla 1. Tabla parcial de estimación taxonómica del pulmón sano

Name	taxo-nomy_id	taxo-nomy_lvl	kraken_signed_reads	added_reads	new_est_reads	fraction_total_reads
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1313	S	211	90895	91106	0.10301
<i>Prevotella melaninogenica</i>	28132	S	50371	37518	87889	0.09938
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	729	S	39059	10616	49675	0.05617
<i>Neisseria lactamica</i>	486	S	2033	43354	45387	0.05132
<i>Veillonella párvula</i>	29466	S	42628	1931	44559	0.05038
<i>Streptococcus thermophilus</i>	1308	S	126	39936	40062	0.04530
<i>Neisseria elongata</i>	495	S	10778	20765	31543	0.03567
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	860	S	23383	5940	29323	0.03316
<i>Prevotella intermedia</i>	28131	S	20705	7977	28682	0.03243
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	652716	S	21988	5927	27915	0.03156

Muestra: Pulmón con cáncer. Adenocarcinoma

En la Figura 2, se observa la conformación del oncobiooma pulmonar de tipo Adenocarcinoma. En donde se identificaron 273 especies distintas que cohabitan en el pulmón con este tipo de neoplasia. Se observa además la presencia de tres grandes grupos que se muestran más enriquecidos, en primer lugar, los filos *Proteobacteria*, *Firmicutes*, y *Actinobacteria*. Dentro del filo *Proteobacteria* destaca la presencia de *R. picketti* con un porcentaje del 10% de lecturas de toda la muestra estudiada.

Figura 2. Krona Pie Chart, Taxonomía del oncobiooma pulmonar de tipo Adenocarcinoma



En la Tabla 2, se observa la estimación taxonómica del oncobioma pulmonar de tipo adenocarcinoma, la mayor estimación de abundancia corresponde al filo *Proteobacteria* con la subespecie *Ralstonia pickettii*. (Tabla completa en el ANEXO 2).

Tabla 2. Tabla parcial de estimación taxonómica del oncobioma pulmonar de tipo Adenocarcinoma

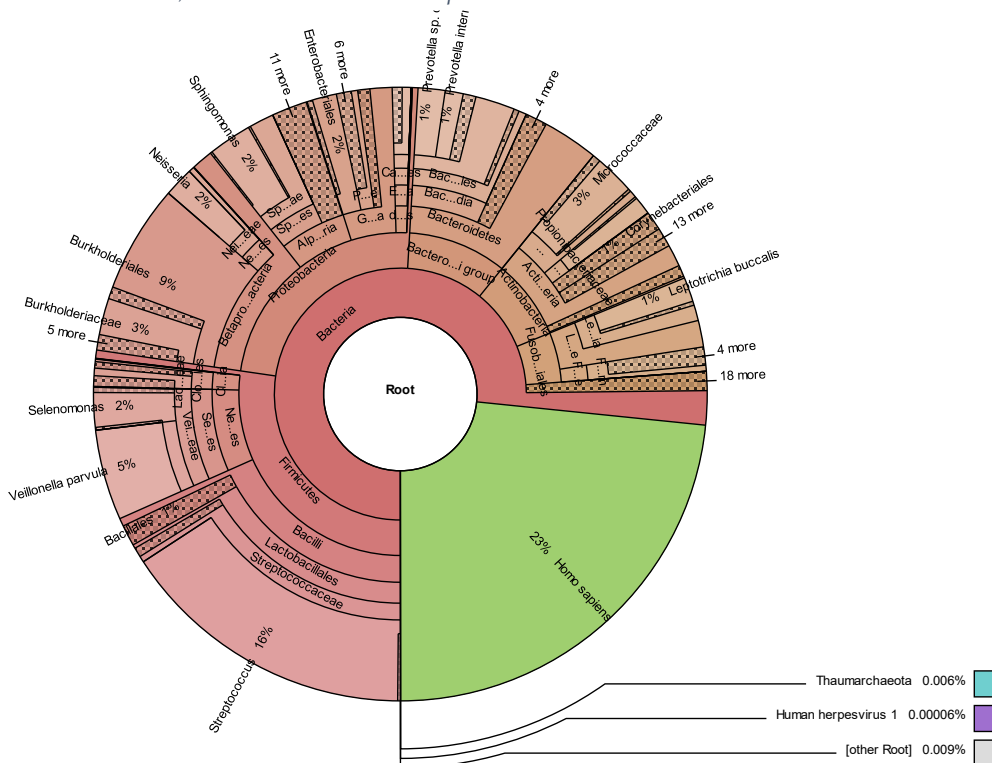
TABLA DE ABUNDANCIA A NIVEL TAXONÓMICO ADENOCARCINOMA

Name	Taxonomy_id	Taxonomy_lvl	Kraken_assigned_reads	Added_reads	New_est_reads	Fraction_total_reads
<i>Ralstonia pickettii</i>	329	S	37445	9334	46779	0.12373
<i>[Eubacterium] rectale</i>	39491	S	19337	7232	26569	0.07028
<i>[Clostridium] saccharolyticum</i>	84030	S	16639	4970	21609	0.05716
<i>Prevotella melaninogenica</i>	28132	S	1375	14020	15395	0.04072
<i>Acinetobacter baumannii</i>	470	S	7864	3407	11271	0.02981
<i>Clostridium botulinum</i>	1491	S	425	9833	10258	0.02713
<i>Micrococcus luteus</i>	1270	S	2906	6985	9891	0.02616
<i>Parabacteroides distasonis</i>	823	S	9436	53	9489	0.02510
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	1161942	S	5288	2964	8252	0.02183
<i>Escherichia coli</i>	562	S	18	6715	6733	0.01781

Muestra: Pulmón con cáncer. Carcinoma escamoso

Se identificaron 341 especies, en la Figura 3, se observa la abundancia taxonómica del oncobioma pulmonar del carcinoma escamoso, los porcentajes más significativos en abundancia corresponden a los filos *Firmicutes* y *Proteobacteria* y en un porcentaje menor a 1% se identificó la presencia de virus (Herpes virus). Dentro de los Firmicutes destacan los *Streptococcus* con un 16% y *Veillonella parvula* con 5% de lecturas asignadas. Dentro de las Proteobacterias destacan las *Burkholderiales*.

Figura 3. Krona Pie Chart, Taxonomía del oncobioma pulmonar del carcinoma escamoso



En la Tabla 3 se observa la abundancia taxonómica del oncobioma pulmonar del carcinoma escamoso, la especie más abundante taxonómicamente es *Streptococcus pneumoniae*. (Tabla completa en el ANEXO 3).

Tabla 3. Tabla parcial de estimación taxonómica del oncobioma pulmonar del carcinoma escamoso

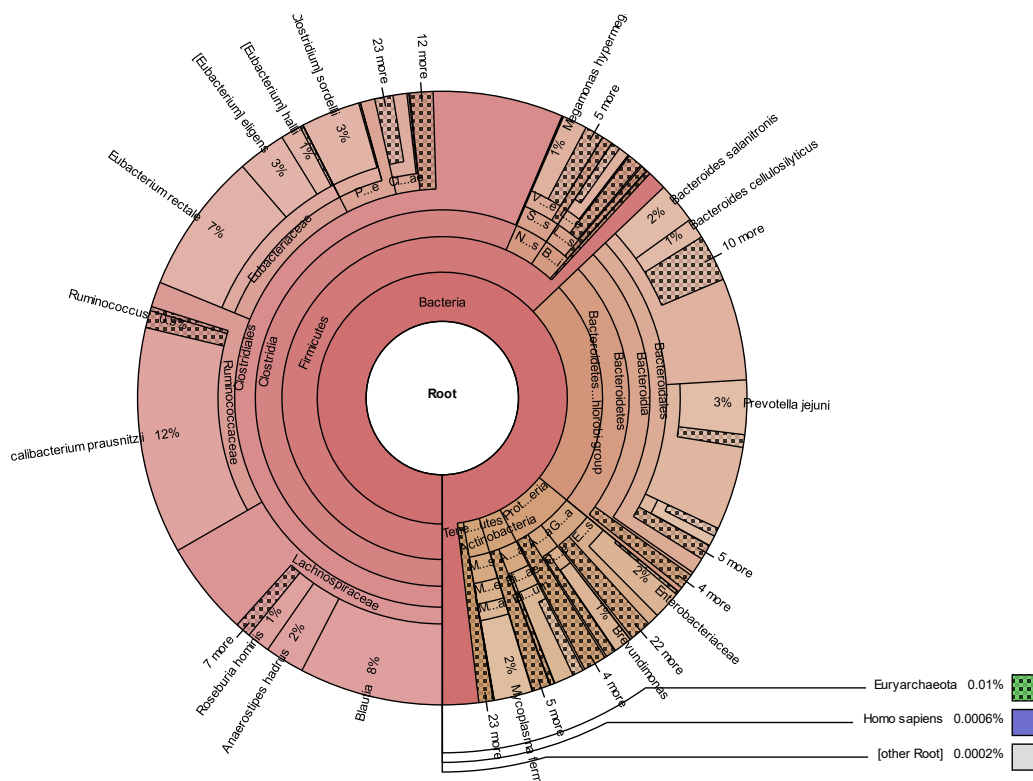
TABLA DE ABUNDANCIA A NIVEL TAXONÓMICO CARCINOMA ESCAMOSO

Name	Taxonomy_id	Taxonomy_lvl	Kraken_assigned_reads	Added_reads	New_est_reads	Fraction_total_reads
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1313	S	2787	489732	492519	0.15654
<i>Ralstonia pickettii</i>	329	S	13391	146558	159949	0.05084
<i>Veillonella parvula</i>	29466	S	148420	4355	152775	0.04856
<i>Yersinia pestis</i>	632	S	208	106588	106796	0.03394
<i>Leptotrichia buccalis</i>	40542	S	39845	66001	105846	0.03364
<i>Prevotella intermedia</i>	28131	S	29659	53450	83109	0.02641
<i>Sphingomonas hengshuiensis</i>	1609977	S	2484	76454	78938	0.02509
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	652716	S	44151	32171	76322	0.02426

Muestra: Heces fecales sanas

Se identificó un total de 443 especies, en la Figura 4, se encuentra representada el perfil de la microbiota de las heces fecales de pacientes sanos, donde se evidencia que el filo dominante de este bacterioma son los *Firmicutes*, en donde destaca la abundancia de *Faecalibacterium prausnitzii* (12%), *Blautia* (8%) y con su especie *Eubacterium rectale* (7%).

Figura 4. Krona Pie Chart, Taxonomía de la microbiota de la heces fecales sanas



En la Tabla 4 se observa la abundancia taxonómica de las muestras de heces fecales de pacientes sanos, en donde *Faecalibacterium prausnitzii* ocupa el primer lugar dentro de los microorganismos más abundantes, seguida de *Eubacterium rectale*, también destacan otras especies como *Blautia sp. N6H1-15* y *Prevotella jejuni*. (Tabla completa en el ANEXO 4).

Tabla 4. Tabla parcial de estimación taxonómica de las heces fecales sanas

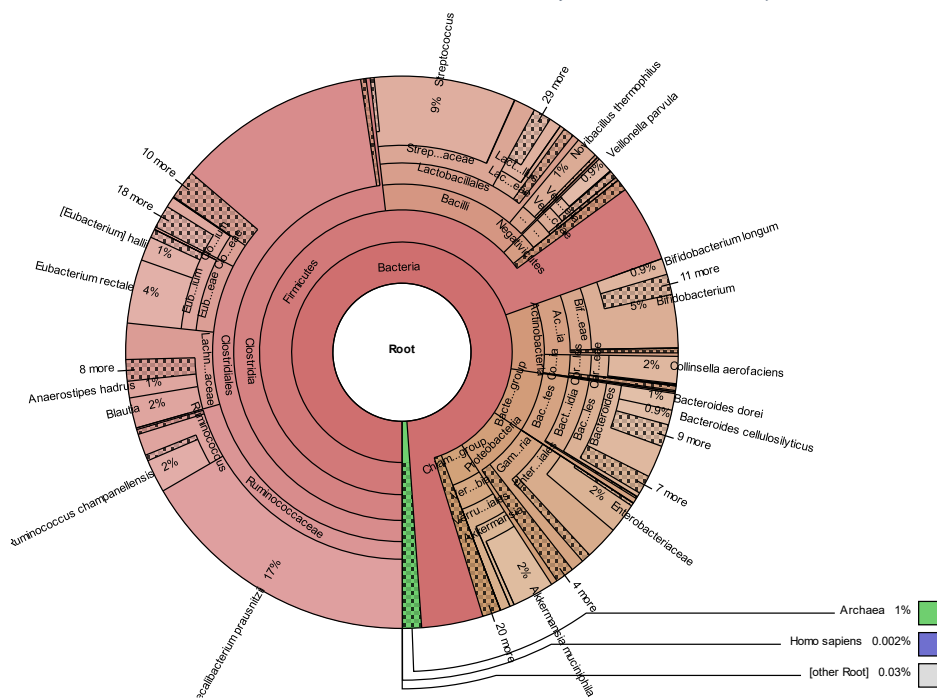
TABLA DE ABUNDANCIA A NIVEL TAXONÓMICO FECAL SANO

Name	Taxonomy_id	Taxonomy_lvl	Kraken_assigned_reads	Added_reads	New_est_reads	Fraction_total_reads
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	853	S	154793	64915	219708	0.16087
[<i>Eubacterium</i>] <i>rectale</i>	39491	S	96568	39420	135988	0.09957
<i>Blautia sp. N6H1-15</i>	1912897	S	206	98640	98846	0.07238
<i>Prevotella jejuni</i>	1177574	S	36951	53043	89994	0.06589
<i>Paeniclostridium sordellii</i>	1505	S	40587	12668	53255	0.03899
<i>Bacteroides vulgatus</i>	821	S	10878	41862	52740	0.03862
<i>Roseburia hominis</i>	301301	S	15909	25455	41364	0.03029
<i>Anaerostipes hadrus</i>	649756	S	27060	12462	39522	0.02894
[<i>Eubacterium</i>] <i>eligenis</i>	39485	S	33137	4702	37839	0.02771
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1313	S	33	1724	1757	0.00129

Muestra: Heces fecales de pacientes con cáncer de pulmón

Se identificó un total de 275 especies. En la Figura 5, se observa la composición de la microbiota de las heces fecales de pacientes con cáncer de pulmón, nuevamente los *Firmicutes* constituyen el filo predominante, donde destacan las especies *Faecalibacterium prausnitzii* (17%) y *Streptococcus spp* (9%).

Figura 5. Krona Pie Chart, Taxonomía de la microbiota de las heces fecales con cáncer de pulmón



En la Tabla 5, se observa la abundancia taxonómica de las muestras de heces fecales de pacientes con cáncer de pulmón, se puede observar que el filo dominante *Firmicutes*, está compuesto principalmente por las especies *Faecalibacterium prausnitzii* *Monoglobus pectinilyticus*, *Lachnospiraceae bacterium Choco86*, entre otras. (Tabla completa en el ANEXO 5).

Tabla 5. Tabla parcial de estimación taxonómica de las heces fecales con cáncer de pulmón

HECES FECALES CON CÁNCER						
Name	Taxonomy _id	Taxonomy _lvl	Kraken _assigned _reads	Added _reads	New_est _reads	Fraction _total _reads
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	853	S	200660	113885	314545	0.22525
<i>Monoglobus pectinilyticus</i>	1981510	S	85665	30410	116075	0.08312
<i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i>	2109690	S	54013	33308	87321	0.06253
<i>[Eubacterium] rectale</i>	39491	S	45029	18772	63801	0.04569
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1313	S	60	52031	52091	0.03730
<i>Streptococcus thermophilus</i>	1308	S	598	41863	42461	0.03041
<i>Akkermansia muciniphila</i>	239935	S	29656	10455	40111	0.02872
<i>Lachnoclostridium phocaense</i>	1871021	S	21788	16386	38174	0.02734
<i>Bifidobacterium longum</i>	216816	S	11449	25146	36595	0.02621

Resultados estadísticos

a) Cálculo Diversidad Alfa:

En Tabla 6, se muestra los índices de diversidad Alfa de cada dataset, nótese que el Adenocarcinoma es el más alfadiverso ya que posee un índice de Shannon de 4,19 seguido del pulmón sano con 3,8e, heces fecales sanas con 3,68, heces fecales con cáncer de pulmón con 3,57 y finalmente el menos diverso es el cáncer escamoso con 3,37.

Tabla 6. Diversidad Alfa

ÍNDICE DE SHANNON	
Name	índice de Shannon
<i>Adenocarcinoma</i>	4,194756689
<i>Pulmón sano</i>	3,879359713
<i>Heces fecales sanas</i>	3,681159347
<i>Heces fecales con cáncer de pulmón</i>	3,573363058
<i>Cáncer escamoso</i>	3,370895347

b) Test- Kolmogorov-Smirnov

Utilizando el Test de Kolmogorov-Smirnov se comparó la distribución de frecuencias de los archivos de abundancia taxonómica obtenidos. La comparación entre muestras de pulmón sano y muestras de cáncer de células escamosas obtuvo un valor de p de 0,034 ($< 0,05$), lo que indica que existe una diferencia estadística significativa entre estos grupos.

Para la comparación entre muestras de pulmón sano y muestras de adenocarcinoma, el Test de Kolmogorov-Smirnov arrojó un valor de p de 0,035, confirmando diferencias estadísticamente significativas.

En cuanto a la comparación entre muestras de adenocarcinoma y muestras de cáncer escamoso, el Test de Kolmogorov-Smirnov mostró un valor de p de 0,082, lo que sugiere que las distribuciones de frecuencias de la flora bacteriana entre los pacientes con cáncer escamoso y aquellos con adenocarcinoma son similares.

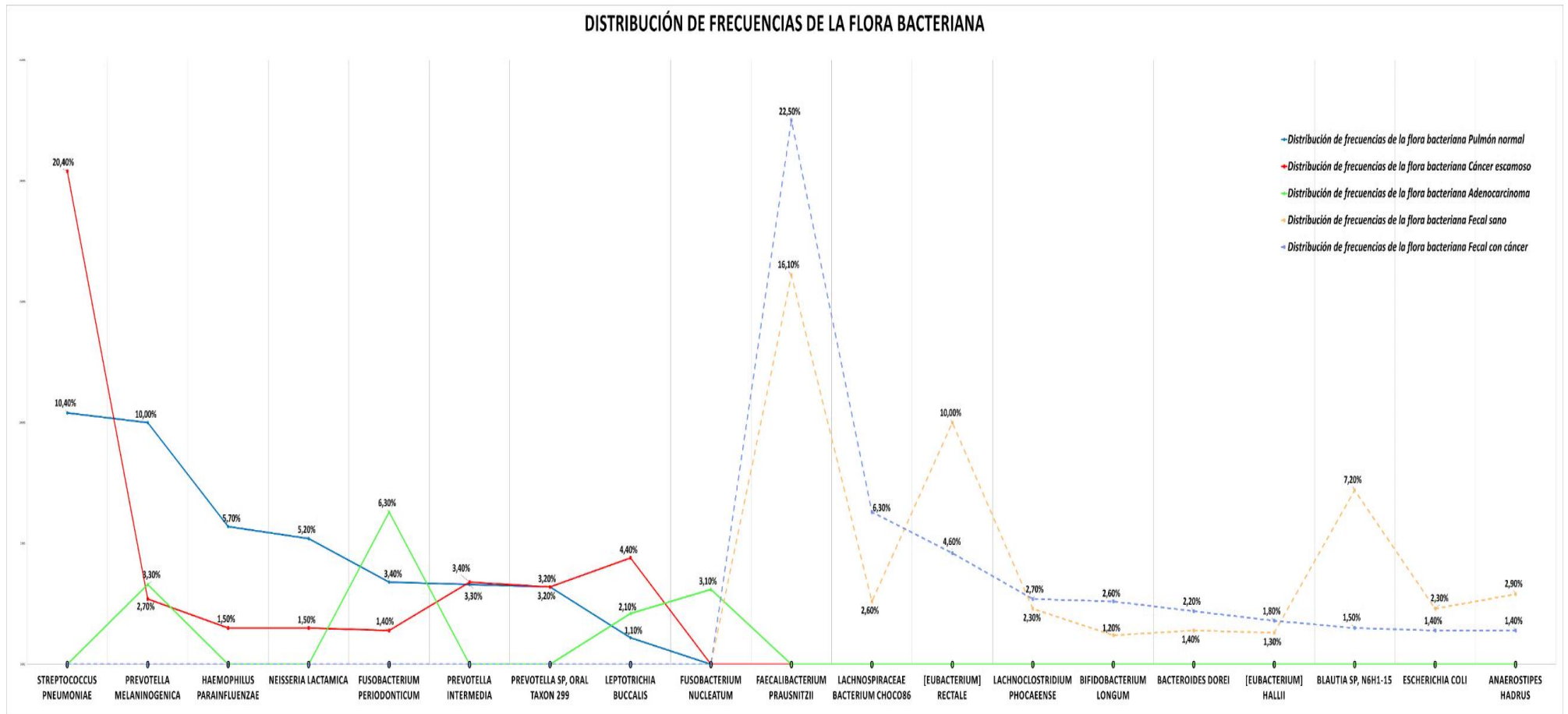
Finalmente, al comparar las muestras de heces fecales de sujetos sanos con las muestras de cáncer pulmonar, el valor de p obtenido fue de 0,988. Este resultado indica que no hay diferencias estadísticas significativas en las distribuciones de frecuencias de las floras bacterianas entre los dos grupos analizados.

c) Distribución de frecuencias en la flora bacteriana.

En la Figura 6. Se muestra la comparación en porcentajes de abundancias de las muestras de pulmón sano, adenocarcinoma, cáncer de células escamosas, y las muestras fecales de pacientes sanos y con cáncer de pulmón. Este gráfico sugiere que no existe una relación del eje intestino-pulmón importante. Por otra parte, en la comparativa de las muestras pulmonares se observa que *Prevotella melaninogenica* tiene un porcentaje de frecuencia significativo cuando se trata de muestras sanas y se observa una disminución drástica de su porcentaje de frecuencia en las muestras de cáncer escamoso y adenocarcinoma. Nótese además que se observa la presencia de *Leptotrichia buccalis* y *Fusobacterium nucleatum* casi de manera exclusiva en el adenocarcinoma, así como la ausencia de *Streptococcus spp.* en la misma entidad, pero en las muestras de cáncer de células escamosas *Streptococcus spp.* tiene un porcentaje de frecuencia más alto que las muestras de pulmón sano, por lo que se lo podría proponer como un posible marcador para diagnóstico asociado a cáncer de pulmón de células escamosas.

En las muestras de heces fecales, se identificó una predominancia de *Faecalibacterium prausnitzii*, seguido de *Monoglobus pectinilyticus* y *Lachnospiraceae bacterium Choco86*, con los porcentajes de frecuencia más elevados, todos superiores al 1%. En contraste, en la clasificación taxonómica se detectaron microorganismos pulmonares como *Streptococcus pneumoniae* y *Streptococcus thermophilus*, aunque su frecuencia relativa fue inferior al 1%, lo que explica su ausencia en la figura correspondiente.

Figura 6: Porcentaje de Bacterias: Muestras de pulmón sano Vs Muestras de adenocarcinoma Vs cáncer escamoso



Fuente: Elaboración propia.

4. Discusión

En el análisis metagenómico de muestras de cáncer escamoso, se empleó una doble alineación utilizando el genoma de referencia HG38 canonical y uno propio relacionado con el cáncer de pulmón. A pesar de esto, se identificaron reads humanos en las muestras, posiblemente debido a que el genoma de referencia utilizado podría no coincidir exactamente con el genoma original de las secuencias obtenidas. Es importante señalar que las muestras procedían de un pool originario de América y Asia, y la falta de coincidencia podría atribuirse a variabilidad genética o técnica. Además, el algoritmo Bowtie se enfoca en identificar fallos de emparejamiento debido a mutaciones y errores, lo que sugiere variaciones en los nucleótidos y sus posiciones. El rendimiento óptimo de Bowtie se observa con un máximo de tres errores (Giménez et al., 2016a).

En cuanto a la distribución de la flora en el oncobioma pulmonar, nuestro estudio reveló que ocho especies bacterianas predominan en términos de abundancia y composición bacteriana en el pulmón sano, el pulmón con cáncer escamoso y el adenocarcinoma. Estas especies son *Streptococcus pneumoniae*, *Prevotella melaninogenica*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Neisseria lactamica*, *Fusobacterium periodonticum*, *Prevotella intermedia*, *Prevotella sp. oral taxon 299* y *Leptotrichia buccalis*. Además, en el adenocarcinoma se identificaron dos subespecies adicionales, *Leptotrichia buccalis* y *Fusobacterium nucleatum*. En el pulmón sano, se observó una predominancia de los filos *Bacteroidetes*, *Firmicutes* y *Proteobacterias*. Las especies más frecuentes identificadas fueron *Streptococcus pneumoniae*, *Prevotella melaninogenica*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Neisseria lactamica*, *Fusobacterium periodonticum*, *Prevotella intermedia*, *Prevotella sp. oral taxon 299* y *Leptotrichia buccalis*. Estas bacterias son conocidas por su capacidad para causar infecciones tanto dentro como fuera del pulmón, y algunas están asociadas con procesos inflamatorios dentales primarios, como se describe en estudios anteriores (Bascones Martínez & Figuero Ruiz, 2005; Andréjak & Delhaes, 2015). Investigaciones previas han identificado filos y géneros similares en la microbiota pulmonar de individuos sanos. Por ejemplo, Kovalova et al. (2019) señalaron que los filos predominantes en un pulmón sano son *Bacteroidetes* y *Firmicutes*, con *Prevotella* y *Veillonella* como géneros predominantes. Además, identificaron otros géneros como *Pseudomonas*, *Streptococcus sp.* y *Fusobacterium sp.* Por otro lado, Liu et al. (2018a) reportaron un predominio de *Veillonella*, *Megasphaera*, *Actinomyces*, *Arthrobacter*, *Capnocytophaga*, *Rothia* y *Streptococcus*. Sin embargo, a pesar de las variaciones entre los estudios, es notable que las subespecies *Streptococcus*, *Prevotella* y *Veillonella* son consistentemente identificadas en la microbiota pulmonar. Estas entidades también presentaron porcentajes representativos en nuestra investigación (Goto, 2022).

En esta investigación, se identificaron principalmente especies patógenas que tienen la capacidad de inducir inflamación sistémica en los tejidos pulmonares, lo que podría conducir a oncogénesis (J. Chen et al., 2017). Hosgood et al. aportaron evidencia adicional al señalar la abundancia de bacterias del filo Firmicutes, específicamente de Lactobacillales (*Streptococcus sp.*), asociada con un mayor riesgo de desarrollar cáncer de pulmón. Estas bacterias también están implicadas en enfermedades inflamatorias crónicas, como la EPOC, y cánceres de cabeza y cuello (Hosgood et al., año).

El dinamismo microbiano en la microbiota pulmonar se evidencia en este estudio a través de variaciones en la frecuencia de distribución de ciertas subespecies. Un ejemplo notable es *Streptococcus sp.*, que muestra un enriquecimiento significativo en muestras de cáncer escamoso, mientras que su presencia disminuye en muestras de pulmón sano y adenocarcinoma. Por otro lado, la especie *Prevotella sp.* se encontró enriquecida en muestras de pulmón sano, sugiriendo que su presencia podría ser indicativa de una comunidad microbiana normal. Sin embargo, en muestras con cáncer escamoso y adenocarcinoma, su abundancia disminuye, lo que concuerda con hallazgos previos (Hilty et al., 2010a). Estas observaciones subrayan la importancia del dinamismo microbiano en la salud pulmonar y el desarrollo de enfermedades asociadas.

En esta investigación, se observó una notable disminución en la población de la especie *Veillonella spp.* en pacientes diagnosticados con cáncer, a pesar de que esta bacteria es comúnmente abundante en el pulmón sano (Bascones Martínez & Figuro Ruiz, 2005). Esta reducción podría interpretarse como evidencia de disbiosis y dinamismo microbiano en el contexto del cáncer pulmonar. En relación con *Fusobacterium nucleatum*, se identificó su presencia en muestras de adenocarcinoma. Aunque esta bacteria está principalmente asociada con el cáncer colorrectal, su persistencia en el pulmón podría ser una señal de alerta debido a su potencial para potenciar la progresión del cáncer (Álvarez, 2021).

Por otro lado, en las muestras de adenocarcinoma se identificaron *Acidobacterias*, perteneciente al filo de las *Proteobacterias*. Aunque la literatura la asocia frecuentemente con el cáncer escamoso, nuestros resultados sugieren que también puede estar presente en adenocarcinomas (Shimizu et al., 2022).

Adicionalmente, se detectó la presencia mínima del virus del herpes en muestras de adenocarcinoma y cáncer escamoso. Esta presencia podría indicar el desarrollo de una neoplasia interna y podría actuar como un coadyuvante en la progresión del cáncer. También, se observó una frecuencia predominante de *Faecalibacterium prausnitzii* en pacientes diagnosticados con adenocarcinoma y cáncer escamoso. Esta especie es reconocida como un inmunomodulador y se utiliza en trasplantes de microbiota fecal (FMT) en pacientes que no responden a inhibidores con puntos de control en inmunoterapia. Aunque no se dispone de información sobre si estos pacientes han recibido tratamiento con FMT, la evidencia científica sugiere que su presencia podría estar asociada con una mayor tasa de supervivencia y respuesta terapéutica, similar a lo observado en pacientes con melanoma metastásico (Gopalakrishnan et al., 2018).

Además, *Faecalibacterium prausnitzii* está estrechamente relacionado con las respuestas inmunitarias mediadas por el eje intestino-pulmón. Las bacterias que mostraron un enriquecimiento significativo en los tejidos con cáncer incluyeron a *Lachnospiraceae* y *Eubacterium*, que son bacterias típicas del intestino. Estos hallazgos sugieren una interacción compleja entre la microbiota intestinal y pulmonar en el contexto del cáncer pulmonar, lo que podría tener implicaciones importantes para el desarrollo de estrategias terapéuticas basadas en la modulación de la microbiota. También debe destacar que, se identificó la diversidad alfa como un factor relevante para comprender la abundancia y composición del oncobioma pulmonar. El adenocarcinoma mostró la mayor diversidad alfa, con un Índice de Shannon de 4.194756689. Todas las demás muestras analizadas también presentaron índices superiores a 2 y mostraron una distribución equitativa entre las diferentes especies bacterianas. Esta alta diversidad alfa podría estar relacionada con el estado y progresión del cáncer pulmonar (Z. Li et al., 2022; Hosgood et al., 2021).

Se postula que las bacterias pueden colonizar el pulmón y establecerlo como su hábitat, independientemente de la presencia o ausencia de neoplasia maligna. Por lo tanto, cambios en la abundancia relativa de estas bacterias podrían servir como indicadores de la progresión de la enfermedad, inicialmente inflamatoria, hacia la oncogénesis. Considerando la diversidad y composición del oncobioma pulmonar identificado en este estudio, estas subespecies bacterianas podrían utilizarse como marcadores potenciales para desarrollar estudios complementarios en pacientes, evitando así procedimientos clínicamente invasivos y proporcionando información valiosa para la monitorización y tratamiento del cáncer pulmonar.

5. Conclusiones

Para la detección del cáncer de pulmón se puede considerar a la comunidad microbiana como un indicador para la detección oportuna y/o progresión de cáncer y si se observa más de cerca las discordancias entre las frecuencias de los enriquecimientos bacterianos y la diversidad de los mismos denota claramente que juegan un papel importante en la composición del oncobioma cuando de homeostasis pasa a una clara disbiosis microbiana.

La presencia de filos como *Bacteroidetes*, *Fimicutes* pero específicamente a *Lactobacillales* se asocian a una probabilidad mayor del desarrollo de un cáncer de pulmón independiente de su etología histológica, así lo demostraron las *Acidobacterias* con su identificación en muestras de adenocarcinoma cuando la literatura te sugiere estar en relación con el cáncer escamoso, independientemente de esa relación sugerida lo importante es que la sola presencia de esta *Proteobacteria* podría considerarse como un biomarcador para la detección del cáncer de pulmón.

Además la evidencia sustancial en la que se basan otros estudios, refiere que varios factores como la alimentación, el tabaco, el alcohol, la obesidad, la inflamación e infecciones periodontales alteran considerablemente a la microbiota del pulmón pudiendo perder incluso su actividad metabólica y su accionar en defensa de otros microorganismos dejando así a otras especies recolonizar su hábitat “normal”, este recolonizar se observó con la presencia de la microbiota oral en las muestras de pulmón, por lo que podríamos pensar que la flora oral está envuelta o participa en un sinnúmero de eventos en todo el organismo humano afectando incluso al sistema nervioso central como lo muestran algunas investigaciones, sugiriendo así que una correcta salud oral es necesaria para evitar algunas enfermedades, entre ellas el cáncer.

No está por demás acotar que el uso de la NGS y su fácil accesibilidad nos abre la capacidad de un abordaje mayor al desarrollo de nuevas investigaciones ya que nos queda claro que esta investigación puede ser el inicio de varias investigaciones más sobre el oncobioma pulmonar.

Financiamiento/Fondos: “Esta investigación no recibió financiación externa”

Agradecimientos: A la Universidad Internacional SEK y la Maestría de Biomedicina.

Conflictos de Interés: Los autores declaran no tener conflicto de interés.

Referencias citadas

1. Álvarez, J. (2021). *Gastroenterología y Hepatología*. 44.
2. Andréjak, C., & Delhaes, L. (2015). Le microbiome pulmonaire en 2015. *Médecine/Sciences*, 31(11), 971–978. <https://doi.org/10.1051/medsci/20153111011>
3. Banerjee, J., Mishra, N., & Dhas, Y. (2015). Metagenomics: A new horizon in cancer research. In *Meta Gene* (Vol. 5, pp. 84–89). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.mgene.2015.05.005>
4. Bascones Martínez, A., & Figuero Ruiz, E. (2005). Las enfermedades periodontales como infecciones bacterianas. *Avances En Periodoncia e Implantología Oral*, 17(3), 147–156. <https://doi.org/10.4321/s1699-65852005000300004>
5. Budden, K. F., Gellatly, S. L., Wood, D. L. A., Cooper, M. A., Morrison, M., Hugenholtz, P., & Hansbro, P. M. (2017). Emerging pathogenic links between microbiota and the gut-lung axis. *Nature Reviews Microbiology*, 15(1), 55–63. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2016.142>
6. Caetano-Anolles, D. (2023). *No Title*. Phred-Scaled Quality Scores. <https://gatk.broadinstitute.org/hc/en-us/articles/360035531872-Phred-scaled-quality-scores>
7. Chen, J., Domingue, J. C., & Sears, C. L. (2017). Microbiota dysbiosis in select human cancers: Evidence of association and causality. *Seminars in Immunology*, 32(August), 25–34. <https://doi.org/10.1016/j.smim.2017.08.001>
8. Chen, J. W., & Dhahbi, J. (2021). Lung adenocarcinoma and lung squamous cell carcinoma cancer classification, biomarker identification, and gene expression analysis using overlapping feature selection methods. *Scientific Reports*, 11(1), 13323. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-92725-8>

9. Fluit, A. C., Bayjanov, J. R., Aguilar, M. D., Cantón, R., Tunney, M. M., Elborn, J. S., van Westreenen, M., & Ekkelenkamp, M. B. (2021). Characterization of clinical *Ralstonia* strains and their taxonomic position. *Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, 114(10), 1721–1733. <https://doi.org/10.1007/s10482-021-01637-0>
10. García-pachón, E.-. (2017). La microbiota de la vía aérea inferior Microbiota : *Medicina Respiratoria*, 10(1), 29–35.
11. Giménez, D., Tutora, L., Rodríguez, I., Ponente, L., Ramón, J., & Ibero, D. (2016a). *Implementación Y Análisis De Algoritmos De Alineación Para Datos De Next Generation Sequencing (Ngs)*.
12. Giménez, D., Tutora, L., Rodríguez, I., Ponente, L., Ramón, J., & Ibero, D. (2016b). *Implementación Y Análisis De Algoritmos De Alineación Para Datos De Next Generation Sequencing (Ngs)*. https://repositorio.uam.es/bitstream/handle/10486/676770/Gimenez_Llorente_Daniel_tfg.pdf?sequence=1
13. GLOBOCAN. (2022). *graphic-estimated-number-of-prevalent-cases-1-year-both-sexes-in-2022-trachea-bronchus-and-lung.pdf*. https://gco.iarc.fr/today/en/dataviz/pipe-prevalence?mode=population&key=total&types=2&group_populations=0&cancers=15
14. Gómez-Carballo, N., Fernández-Soberón, S., & Rejas-Gutiérrez, J. (2022). Cost-effectiveness analysis of a lung cancer screening programme in Spain. *European Journal of Cancer Prevention : The Official Journal of the European Cancer Prevention Organisation (ECP)*, 31(3), 235–244. <https://doi.org/10.1097/CEJ.0000000000000700>
15. Gopalakrishnan, V., Spencer, C. N., Nezi, L., Reuben, A., Andrews, M. C., Karpinets, T. V., Prieto, P. A., Vicente, D., Hoffman, K., Wei, S. C., Cogdill, A. P., Zhao, L., Hudgens, C. W., Hutchinson, D. S., Manzo, T., Petaccia De Macedo, M., Cotechini, T., Kumar, T., Chen, W. S., ... Wargo, J. A. (2018). Gut microbiome modulates response to anti-PD-1 immunotherapy in melanoma patients. *Science*, 359(6371), 97–103. <https://doi.org/10.1126/science.aan4236>
16. Goto, T. (2022). Microbiota and lung cancer. *Seminars in Cancer Biology*, 86(P3), 1–10. <https://doi.org/10.1016/j.semcancer.2022.07.006>
17. Greathouse, K. L., White, J. R., Vargas, A. J., Bliskovsky, V. V., Beck, J. A., Von Muhlinen, N., Polley, E. C., Bowman, E. D., Khan, M. A., Robles, A. I., Cooks, T., Ryan, B. M., Padgett, N., Dzutsev, A. H., Trinchieri, G., Pineda, M. A., Bilke, S., Meltzer, P. S., Hokenstad, A. N., ... Harris, C. C. (2020). Author Correction: Interaction between the microbiome and TP53 in human lung cancer (Genome Biology DOI: 10.1186/s13059-018-1501-6). *Genome Biology*, 21(1), 1–16. <https://doi.org/10.1186/s13059-020-01961-0>
18. Gu, L., Xia, C., Yang, S., & Yang, G. (2023). The adaptive evolution of cancer driver genes. *BMC Genomics*, 24(1), 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09301-9>
19. Hilty, M., Burke, C., Pedro, H., Cardenas, P., Bush, A., Bossley, C., Davies, J., Ervine, A., Poulter, L., Pachter, L., Moffatt, M. F., & Cookson, W. O. C. (2010a). Disordered microbial communities in asthmatic airways. *PLoS ONE*, 5(1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0008578>
20. Hilty, M., Burke, C., Pedro, H., Cardenas, P., Bush, A., Bossley, C., Davies, J., Ervine, A., Poulter, L., Pachter, L., Moffatt, M. F., & Cookson, W. O. C. (2010b). Disordered microbial communities in asthmatic airways. *PLoS ONE*, 5(1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0008578>
21. Hosgood, H. D., Cai, Q., Hua, X., Long, J., Shi, J., Wan, Y., Yang, Y., Abnet, C., Bassig, B. A., Hu, W., Ji, B. T., Klugman, M., Xiang, Y., Gao, Y. T., Wong, J. Y. Y., Zheng, W., Rothman, N., Shu, X. O., & Lan, Q. (2021). Variation in oral microbiome is associated with future risk of lung cancer among never-smokers. *Thorax*, 76(3), 256–263. <https://doi.org/10.1136/thoraxjnl-2020-215542>

22. JIANG, L. X., REN, H. Y., ZHOU, H. J., ZHAO, S. H., HOU, B. Y., YAN, J. P., QIN, T., & CHEN, Y. (2017). Simultaneous Detection of 13 Key Bacterial Respiratory Pathogens by Combination of Multiplex PCR and Capillary Electrophoresis. *Biomedical and Environmental Sciences*, 30(8), 549–561. <https://doi.org/10.3967/bes2017.074>
23. *Journal of the American Academy of Dermatology_20240328*. (n.d.).
24. Kovaleva, O. V., Romashin, D., Zborovskaya, I. B., Davydov, M. M., Shogenov, M. S., & Gratchev, A. (2019). Human Lung Microbiome on the Way to Cancer. *Journal of Immunology Research*, 2019, 1394191. <https://doi.org/10.1155/2019/1394191>
25. *La microbiota pulmonar _ Contenido para el público general _ Instituto de la Microbiota*. (n.d.).
26. Li, R., Li, J., & Zhou, X. (2024). Lung microbiome: new insights into the pathogenesis of respiratory diseases. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41392-023-01722-y>
27. Li, Z., Zhou, J., Liang, H., Ye, L., Lan, L., Lu, F., Wang, Q., Lei, T., Yang, X., Cui, P., & Huang, J. (2022a). Differences in Alpha Diversity of Gut Microbiota in Neurological Diseases. *Frontiers in Neuroscience*, 16(June), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fnins.2022.879318>
28. Li, Z., Zhou, J., Liang, H., Ye, L., Lan, L., Lu, F., Wang, Q., Lei, T., Yang, X., Cui, P., & Huang, J. (2022b). Differences in Alpha Diversity of Gut Microbiota in Neurological Diseases. *Frontiers in Neuroscience*, 16(June), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fnins.2022.879318>
29. Liu, Y., O'Brien, J. L., Ajami, N. J., Scheurer, M. E., Amirian, E. S., Armstrong, G., Tsavachidis, S., Thrift, A. P., Jiao, L., Wong, M. C., Smith, D. P., Spitz, M. R., Bondy, M. L., Petrosino, J. F., & Kheradmand, F. (2018a). Lung tissue microbial profile in lung cancer is distinct from emphysema. *American Journal of Cancer Research*, 8(9), 1775–1787.
30. Liu, Y., O'Brien, J. L., Ajami, N. J., Scheurer, M. E., Amirian, E. S., Armstrong, G., Tsavachidis, S., Thrift, A. P., Jiao, L., Wong, M. C., Smith, D. P., Spitz, M. R., Bondy, M. L., Petrosino, J. F., & Kheradmand, F. (2018b). Lung tissue microbial profile in lung cancer is distinct from emphysema. *American Journal of Cancer Research*, 8(9), 1775–1787. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30323970><http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=PMC6176189>
31. Lohman, E. de S., Duijster, J., Koerkamp, B. G., van der Post, R., Franz, E., Gras, L. M., & de Reuver, P. (2020). Severe Salmonella spp. Or Campylobacter spp. infection and the risk of biliary tract cancer: A population-based study. *Cancers*, 12(11), 1–12. <https://doi.org/10.3390/cancers12113348>
32. Mao, Q., Jiang, F., Yin, R., Wang, J., Xia, W., Dong, G., Ma, W., Yang, Y., Xu, L., & Hu, J. (2018). Interplay between the lung microbiome and lung cancer. In *Cancer Letters* (Vol. 415). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.canlet.2017.11.036>
33. Natalini, J. G., Singh, S., & Segal, L. N. (2023). The dynamic lung microbiome in health and disease. *Nature Reviews Microbiology*, 21(4), 222–235. <https://doi.org/10.1038/s41579-022-00821-x>
34. NCI. (2024). *H. pylori and cancer*. H.Pylori and Cancer. <https://www.cancer.gov/espanol/cancer/causas-prevenccion/riesgo/germenenes-infecciosos/hoja-informativa-h-pylori>
35. Neumann, J. M., Freitag, H., Hartmann, J. S., Niehaus, K., Galanis, M., Griesshammer, M., Kellner, U., & Bednarz, H. (2022). Subtyping non-small cell lung cancer by histology-guided spatial metabolomics. *Journal of Cancer Research and Clinical Oncology*, 148(2), 351–360. <https://doi.org/10.1007/s00432-021-03834-w>

36. O'Dwyer, D. N., Dickson, R. P., & Moore, B. B. (2016). The Lung Microbiome, Immunity, and the Pathogenesis of Chronic Lung Disease. *The Journal of Immunology*, 196(12), 4839–4847. <https://doi.org/10.4049/jimmunol.1600279>
37. Park, J., Choi, Y. D., Lee, J., Kim, S., Lee, S., Won, Y. H., & Yun, S. J. (2011). Telangiectatic cutaneous metastasis from lung adenocarcinoma. *Journal of American Dermatology*, 64(4), 798–799. <https://doi.org/10.1016/j.jaad.2009.08.022>
38. Pragman, A. A., Lyu, T., Baller, J. A., Gould, T. J., Kelly, R. F., Reilly, C. S., Isaacson, R. E., & Wendt, C. H. (2018). The lung tissue microbiota of mild and moderate chronic obstructive pulmonary disease. *Microbiome*, 6(1), 1–19. <https://doi.org/10.1186/s40168-017-0381-4>
39. Quesada Gómez, C. (2010). Infecciones en humanos por bacterias anaerobias del género Bacteroides: actualización en aspectos taxonómicos, bioquímicos, inmunológicos, patogénicos y clínicos. *Revista Biomédica*, 21(2), 89–96.
40. Rodríguez Veintimilla, D., & Frías Toral, E. (2021). Microbiota intestinal y cáncer. *Revista de Nutrición Clínica y Metabolismo*, 4(1), 94–102. <https://doi.org/10.35454/rncm.v4n1.175>
41. Rosa del Campo Moreno, M. F. Martínez. T. A. C. G. D. A. S. D. P. (2016). 59. Microbiota. In *Procedimientos en Microbiología Clínica*. www.seimc.org
42. Rubio, S., Pacheco-Orozco, R. A., Gómez, A. M., Perdomo, S., & García-Robles, R. (2020). Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica. *Universitas Médica*, 61(2). <https://doi.org/10.11144/javeriana.umed61-2.sngs>
43. Saez, M. (2016, June 16). *Metagenómica, la microbiología del futuro*.
44. Serna, G., Ruiz-Pace, F., Hernando, J., Alonso, L., Fasani, R., Landolfi, S., Comas, R., Jimenez, J., Elez, E., Bullman, S., Taberner, J., Capdevila, J., Dienstmann, R., & Nuciforo, P. (2020). Fusobacterium nucleatum persistence and risk of recurrence after preoperative treatment in locally advanced rectal cancer. *Annals of Oncology*, 31(10), 1366–1375. <https://doi.org/10.1016/j.annonc.2020.06.003>
45. Shimizu, M., Miyanaga, A., Seike, M., Matsuda, K., Matsumoto, M., Noro, R., Fujita, K., Mano, Y., Furuya, N., Kubota, K., & Gemma, A. (2022). The respiratory microbiome associated with chronic obstructive pulmonary disease comorbidity in non-small cell lung cancer. *Thoracic Cancer*, 13(13), 1940–1947. <https://doi.org/10.1111/1759-7714.14463>
46. Stockley, R. A. (1998). Role of bacteria in the pathogenesis and progression of acute and chronic lung infection. *Thorax*, 53(1), 58–62. <https://doi.org/10.1136/thx.53.1.58>
47. Travis, W. D., Brambilla, E., Nicholson, A. G., Yatabe, Y., Austin, J. H. M., Beasley, M. B., Chirieac, L. R., Dacic, S., Duhig, E., Flieder, D. B., Geisinger, K., Hirsch, F. R., Ishikawa, Y., Kerr, K. M., Noguchi, M., Pelosi, G., Powell, C. A., Tsao, M. S., & Wistuba, I. (2015a). The 2015 World Health Organization Classification of Lung Tumors: Impact of Genetic, Clinical and Radiologic Advances since the 2004 Classification. *Journal of Thoracic Oncology*, 10(9), 1243–1260. <https://doi.org/10.1097/JTO.0000000000000630>
48. Travis, W. D., Brambilla, E., Nicholson, A. G., Yatabe, Y., Austin, J. H. M., Beasley, M. B., Chirieac, L. R., Dacic, S., Duhig, E., Flieder, D. B., Geisinger, K., Hirsch, F. R., Ishikawa, Y., Kerr, K. M., Noguchi, M., Pelosi, G., Powell, C. A., Tsao, M. S., & Wistuba, I. (2015b). The 2015 World Health Organization Classification of Lung Tumors: Impact of Genetic, Clinical and Radiologic Advances since the 2004 Classification. *Journal of Thoracic Oncology*, 10(9), 1243–1260. <https://doi.org/10.1097/JTO.0000000000000630>
49. Underhill, D. M., & Iliev, I. D. (2014). The mycobiota: Interactions between commensal fungi and the host immune system. *Nature Reviews Immunology*, 14(6), 405–416. <https://doi.org/10.1038/nri3684>

50. Zhang, Y. C., Zhou, Q., & Wu, Y. L. (2017). The emerging roles of NGS-based liquid biopsy in non-small cell lung cancer. *Journal of Hematology and Oncology*, 10(1), 1–8. <https://doi.org/10.1186/s13045-017-0536-6>
51. Zhao, J., Han, Y., Li, J., Chai, R., & Bai, C. (2019). Prognostic value of KRAS/TP53/PIK3CA in non-small cell lung cancer. *Oncology Letters*, 3233–3240. <https://doi.org/10.3892/ol.2019.10012>
52. Zhao, Y., Liu, Y., Li, S., Peng, Z., Liu, X., Chen, J., & Zheng, X. (2021). Role of lung and gut microbiota on lung cancer pathogenesis. *Journal of Cancer Research and Clinical Oncology*, 147(8), 2177–2186. <https://doi.org/10.1007/s00432-021-03644-0>
53. Zheng, Y., Fang, Z., Xue, Y., Zhang, J., Zhu, J., Gao, R., Yao, S., Ye, Y., Wang, S., Lin, C., Chen, S., Huang, H., Hu, L., Jiang, G. N., Qin, H., Zhang, P., Chen, J., & Ji, H. (2020). Specific gut microbiome signature predicts the early-stage lung cancer. *Gut Microbes*, 11(4), 1030–1042. <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1737487>

ANEXOS

ANEXO 1. Tabla de estimación taxonómica del pulmón normal

TABLA DE ABUNDANCIA A NIVEL TAXONÓMICO PULMÓN NORMAL

Name	Taxonomy_id	Taxonomy_lvl	Kraken_assigned_reads	Added_reads	New_est_reads	Fraction_total_reads
<i>Streptococcus constellatus</i>	76860	S	1732	-1732	0	0.00000
<i>Streptococcus intermedius</i>	1338	S	818	595	1413	0.00160
<i>Streptococcus anginosus</i>	1328	S	641	441	1082	0.00122
<i>Streptococcus pyogenes</i>	1314	S	630	2691	3321	0.00376
<i>Streptococcus suis</i>	1307	S	604	321	925	0.00105
<i>Streptococcus agalactiae</i>	1311	S	356	10768	11124	0.01258
<i>Streptococcus iniae</i>	1346	S	267	115	382	0.00043
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1313	S	211	90895	91106	0.10301
<i>Streptococcus thermophilus</i>	1308	S	126	39936	40062	0.04530
<i>Streptococcus infantarius</i>	102684	S	110	10466	10576	0.01196
<i>Streptococcus respiraculi</i>	2021971	S	60	38	98	0.00011
<i>Streptococcus pantholopis</i>	1811193	S	49	8	57	0.00006
<i>Streptococcus mutans</i>	1309	S	45	13	58	0.00007
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	1334	S	45	1874	1919	0.00217
<i>Streptococcus marmotae</i>	1825069	S	39	42	81	0.00009
<i>Streptococcus ferus</i>	1345	S	36	5	41	0.00005
<i>Streptococcus parauberis</i>	1348	S	27	25	52	0.00006
<i>Streptococcus sp. I-P16</i>	1156433	S	22	356	378	0.00043
<i>Lactococcus garvieae</i>	1363	S	77	34	111	0.00013
<i>Jeotgalibaca sp. PTS2502</i>	1903686	S	12232	2612	14844	0.01678
<i>Marinilactibacillus sp. 15R</i>	1911586	S	47	6	53	0.00006
<i>Lactobacillus murinus</i>	1622	S	1591	577	2168	0.00245
<i>Lactobacillus acetotolerans</i>	1600	S	1146	1867	3013	0.00341
<i>Lactobacillus reuteri</i>	1598	S	1026	664	1690	0.00191
<i>Lactobacillus fermentum</i>	1613	S	185	315	500	0.00057
<i>Lactobacillus kunkeei</i>	148814	S	117	11	128	0.00014
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	1584	S	115	1114	1229	0.00139
<i>Lactobacillus bombi</i>	1303590	S	81	4	85	0.00010

<i>Lactobacillus jensenii</i>	109790	S	62	25	87	0.00010
<i>Lactobacillus apis</i>	303541	S	53	12	65	0.00007
<i>Lactobacillus helveticus</i>	1587	S	29	998	1027	0.00116
<i>Lactobacillus amylovorus</i>	1604	S	29	86	115	0.00013
<i>Lactobacillus paracasei</i>	1597	S	17	423	440	0.00050
<i>Lactobacillus kefiranofaciens</i>	267818	S	23	133	156	0.00018
<i>Lactobacillus kullabergensis</i>	1218493	S	21	24	45	0.00005
<i>Lactobacillus mucosae</i>	97478	S	19	14	33	0.00004
<i>Lactobacillus helsingborgensis</i>	1218494	S	17	275	292	0.00033
<i>Lactobacillus sp. wkB8</i>	1545702	S	17	262	279	0.00032
<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	1625	S	13	16	29	0.00003
<i>Lactobacillus ruminis</i>	1623	S	12	1	13	0.00001
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	33959	S	10	24	34	0.00004
<i>Vagococcus penaei</i>	633807	S	42	1	43	0.00005
<i>Vagococcus teuberi</i>	519472	S	12	0	12	0.00001
<i>Enterococcus durans</i>	53345	S	21	5	26	0.00003
<i>Gemella morbillorum</i>	29391	S	18717	998	19715	0.02229
<i>Exiguobacterium sp. AT1b</i>	360911	S	10	8	18	0.00002
<i>Staphylococcus aureus</i>	1280	S	19	573	592	0.00067
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	1283	S	15	18	33	0.00004
<i>Staphylococcus pettenkoferi</i>	170573	S	10	4	14	0.00002
<i>Jeotgalicoccus sauidimassiliensis</i>	1461582	S	19	5	24	0.00003
<i>Bacillus cereus</i>	1396	S	18	15	33	0.00004
<i>Bacillus anthracis</i>	1392	S	14	13	27	0.00003
<i>Bacillus thuringiensis</i>	1428	S	14	68	82	0.00009
<i>Bacillus licheniformis</i>	1402	S	11	17	28	0.00003
<i>Bacillus butanolivorans</i>	421767	S	12	1	13	0.00001
<i>Anoxybacillus gonensis</i>	198467	S	11	29	40	0.00005
<i>Brochothrix thermosphacta</i>	2756	S	11	0	11	0.00001
<i>Veillonella parvula</i>	29466	S	42628	1931	44559	0.05038
<i>Veillonella rodentium</i>	248315	S	27	2	29	0.00003
<i>Dialister sp. Marseille-P5638</i>	2161821	S	3521	73	3594	0.00406
<i>Dialister pneumosintes</i>	39950	S	2188	74	2262	0.00256
<i>Megasphaera elsdenii</i>	907	S	741	698	1439	0.00163
<i>Selenomonas sp. oral taxon 126</i>	712528	S	1315	1156	2471	0.00279
<i>Selenomonas sputigena</i>	69823	S	825	75	900	0.00102
<i>Selenomonas sp. oral taxon 920</i>	1884263	S	350	361	711	0.00080
<i>Acidaminococcus fermentans</i>	905	S	21	144	165	0.00019
<i>[Eubacterium] sulci</i>	143393	S	8075	2251	10326	0.01168
<i>[Eubacterium] minutum</i>	76124	S	699	112	811	0.00092
<i>Lachnoanaerobaculum umeaense</i>	617123	S	5232	908	6140	0.00694
<i>Lachnospiraceae bacterium GAM79</i>	2109691	S	699	1657	2356	0.00266
<i>Lachnospiraceae bacterium oral taxon 500</i>	712991	S	544	118	662	0.00075
<i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i>	2109690	S	222	270	492	0.00056
<i>[Eubacterium] rectale</i>	39491	S	71	67	138	0.00016
<i>Lachnoclostridium phocaeense</i>	1871021	S	64	632	696	0.00079
<i>Lachnoclostridium phytofermentans</i>	66219	S	17	49	66	0.00007
<i>Roseburia hominis</i>	301301	S	285	807	1092	0.00123

<i>Anaerostipes propionicum</i>	28446	S	285	12	297	0.00034
<i>Herbinix luporum</i>	1679721	S	49	107	156	0.00018
<i>Cellulosilyticum lentocellum</i>	29360	S	30	3	33	0.00004
<i>Mordavella sp. Marseille-P3756</i>	2086584	S	5897	8494	14391	0.01627
<i>Clostridium taeniosporum</i>	394958	S	241	334	575	0.00065
<i>Clostridium baratii</i>	1561	S	41	120	161	0.00018
<i>Clostridium sp. SY8519</i>	1042156	S	29	6	35	0.00004
<i>Clostridium bornimense</i>	1216932	S	11	29	40	0.00005
<i>Filifactor alocis</i>	143361	S	4371	1554	5925	0.00670
<i>Acetoanaerobium sticklandii</i>	1511	S	1535	132	1667	0.00188
<i>Clostridioides difficile</i>	1496	S	51	30	81	0.00009
<i>Peptoclostridium acidaminophilum</i>	1731	S	16	2	18	0.00002
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	1161942	S	322	314	636	0.00072
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	853	S	286	313	599	0.00068
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	253239	S	136	42	178	0.00020
<i>Fastidiosipila sanguinis</i>	236753	S	76	16	92	0.00010
[<i>Clostridium</i>] <i>cellulosi</i>	29343	S	20	20	40	0.00005
<i>Herbivorax saccincola</i>	1677857	S	20	37	57	0.00006
<i>Ruminococcaceae bacterium CPB6</i>	1572656	S	12	5	17	0.00002
<i>Flavonifractor plautii</i>	292800	S	504	186	690	0.00078
<i>Clostridiales bacterium CCNA10</i>	2109688	S	312	519	831	0.00094
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	1297617	S	157	65	222	0.00025
<i>Monoglobus pectinilyticus</i>	1981510	S	95	34	129	0.00015
<i>Oscillibacter sp. PEA192</i>	2109687	S	269	372	641	0.00072
<i>Oscillibacter valericigenes</i>	351091	S	116	8	124	0.00014
[<i>Eubacterium</i>] <i>hallii</i>	39488	S	190	145	335	0.00038
[<i>Eubacterium</i>] <i>eligens</i>	39485	S	48	23	71	0.00008
[<i>Eubacterium</i>] <i>cellulosolvens</i>	29322	S	11	1	12	0.00001
<i>Desulfotomaculum acetoxidans</i>	58138	S	10	0	10	0.00001
<i>Dehalobacterium formicoaceticum</i>	51515	S	14	7	21	0.00002
<i>Caldicellulosiruptor saccharolyticus</i>	44001	S	236	79	315	0.00036
<i>Parvimonas micra</i>	33033	S	6845	2080	8925	0.01009
<i>Finegoldia magna</i>	1260	S	86	-86	0	0.00000
<i>Peptoniphilus sp. ING2-D1G</i>	1912856	S	16	4	20	0.00002
<i>Gottschalkia acidurici</i>	1556	S	14	0	14	0.00002
<i>Ezakiella massiliensis</i>	1852374	S	68	92	160	0.00018
<i>Faecalibaculum rodentium</i>	1702221	S	424	6	430	0.00049
<i>Turcibacter sp. H121</i>	1712675	S	260	30	290	0.00033
<i>Erysipelothrix larvae</i>	1514105	S	40	1	41	0.00005
<i>Limnochorda pilosa</i>	1555112	S	672	5	677	0.00077
<i>Rothia mucilaginosa</i>	43675	S	10251	12657	22908	0.02590
<i>Rothia dentocariosa</i>	2047	S	2885	1388	4273	0.00483
<i>Arthrobacter sp. IHBB 11108</i>	1618207	S	72	124	196	0.00022
<i>Auritidibacter sp. NML130574</i>	2170745	S	31	8	39	0.00004
<i>Neomicrococcus aestuarii</i>	556325	S	18	41	59	0.00007
<i>Sinomonas atrocyanea</i>	37927	S	14	51	65	0.00007
<i>Tropheryma whipplei</i>	2039	S	5145	-5145	0	0.00000
<i>Arsenicococcus sp. oral taxon 190</i>	1658671	S	27	9	36	0.00004

<i>Cellulomonas gilvus</i>	11	S	21	10	31	0.00004
<i>Actinomyces meyeri</i>	52773	S	109	2651	2760	0.00312
<i>Actinomyces hongkongensis</i>	178339	S	30	821	851	0.00096
<i>Actinomyces radingae</i>	131110	S	24	78	102	0.00012
<i>Actinomyces</i> sp. Z16	2079536	S	13	396	409	0.00046
<i>Corynebacterium cystitidis</i>	35757	S	1004	56	1060	0.00120
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	38289	S	231	383	614	0.00069
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	169292	S	207	121	328	0.00037
<i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>	1719	S	25	11	36	0.00004
<i>Lawsonella clevelandensis</i>	1528099	S	68	8	76	0.00009
<i>Bifidobacterium asteroides</i>	1684	S	99	-99	0	0.00000
<i>Bifidobacterium indicum</i>	1691	S	25	257	282	0.00032
<i>Thermobispora bispora</i>	2006	S	57	6	63	0.00007
<i>Atopobium parvulum</i>	1382	S	3049	94	3143	0.00355
<i>Olsenella uli</i>	133926	S	170	32	202	0.00023
<i>Olsenella</i> sp. oral taxon 807	712411	S	47	4	51	0.00006
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	84110	S	46	6	52	0.00006
<i>Cryptobacterium curtum</i>	84163	S	46	7	53	0.00006
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	446660	S	27	7	34	0.00004
<i>Conexibacter woesei</i>	191495	S	15	0	15	0.00002
<i>Chamaesiphon minutus</i>	1173032	S	36	4630	4666	0.00528
<i>Crinalium epipsammum</i>	241425	S	14	4608	4622	0.00523
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	2104	S	1203	1357	2560	0.00289
<i>Mycoplasma penetrans</i>	28227	S	13	4	17	0.00002
<i>Candidatus Izimaplasma</i> sp. HR1	1541959	S	21	71	92	0.00010
<i>Anaerolineaceae bacterium oral taxon 439</i>	1889813	S	31	0	31	0.00004
<i>Truepera radiovictrix</i>	332249	S	20	0	20	0.00002
<i>Marinithermus hydrothermalis</i>	186192	S	11	0	11	0.00001
<i>Prevotella melaninogenica</i>	28132	S	50371	37518	87889	0.09938
<i>Prevotella</i> sp. oral taxon 299	652716	S	21988	5927	27915	0.03156
<i>Prevotella intermedia</i>	28131	S	20705	7977	28682	0.03243
<i>Prevotella enoeca</i>	76123	S	5942	3168	9110	0.01030
<i>Prevotella dentalis</i>	52227	S	4590	1032	5622	0.00636
<i>Prevotella denticola</i>	28129	S	2170	616	2786	0.00315
<i>Prevotella fusca</i>	589436	S	838	371	1209	0.00137
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	837	S	9211	5993	15204	0.01719
<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	28123	S	111	41	152	0.00017
<i>Muribaculum intestinale</i>	1796646	S	4880	1372	6252	0.00707
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	246787	S	2053	823	2876	0.00325
<i>Bacteroides heparinolyticus</i>	28113	S	778	1537	2315	0.00262
<i>Bacteroides helcogenes</i>	290053	S	178	75	253	0.00029
<i>Bacteroides caccae</i>	47678	S	92	47	139	0.00016
<i>Bacteroides coprosuis</i>	151276	S	20	0	20	0.00002
<i>Bacteroides fragilis</i>	817	S	12	7	19	0.00002
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	818	S	12	6	18	0.00002
<i>Tannerella forsythia</i>	28112	S	875	-875	0	0.00000
<i>Tannerella</i> sp. oral taxon HOT-286	712710	S	639	335	974	0.00110
<i>Parabacteroides</i> sp. CT06	2025876	S	281	526	807	0.00091

<i>Paludibacter propionigenes</i>	185300	S	341	62	403	0.00046
<i>Alistipes finegoldii</i>	214856	S	37	284	321	0.00036
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	28118	S	270	206	476	0.00054
<i>Bacteroidales bacterium CF</i>	1400053	S	60	336	396	0.00045
<i>Draconibacterium orientale</i>	1168034	S	421	1332	1753	0.00198
<i>Alkalitalea saponilacus</i>	889453	S	29	29	58	0.00007
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	1017	S	4311	3569	7880	0.00891
<i>Capnocytophaga leadbetteri</i>	327575	S	1040	1858	2898	0.00328
<i>Capnocytophaga sputigena</i>	1019	S	633	1612	2245	0.00254
<i>Capnocytophaga sp. ChDC OS43</i>	209053	S	70	54	124	0.00014
<i>Capnocytophaga haemolytica</i>	45243	S	27	53	80	0.00009
<i>Croceibacter atlanticus</i>	313588	S	1114	2206	3320	0.00375
<i>Flavobacterium sp. MEBiC07310</i>	2201181	S	18	35	53	0.00006
<i>Chryseobacterium indologenes</i>	253	S	12	59	71	0.00008
<i>Aequorivita sublithincola</i>	101385	S	28	19	47	0.00005
<i>Candidatus Sulcia muelleri</i>	336810	S	127	6419	6546	0.00740
<i>Pedobacter cryoconitis</i>	188932	S	34	7677	7711	0.00872
<i>Pedobacter sp. PACM 27299</i>	1727164	S	12	3121	3133	0.00354
<i>Leadbetterella byssohila</i>	316068	S	88	124	212	0.00024
<i>Persicobacter sp. JZB09</i>	1085624	S	32	27	59	0.00007
<i>Candidatus Amoebophilus asiaticus</i>	281120	S	21	3	24	0.00003
<i>Flammeovirga sp. MY04</i>	1191459	S	11	8	19	0.00002
<i>Filimonas lacunae</i>	477680	S	19	22	41	0.00005
<i>Flavisolibacter tropicus</i>	1492898	S	10	9	19	0.00002
<i>Melioribacter roseus</i>	1134405	S	12	0	12	0.00001
<i>Fibrobacter succinogenes</i>	833	S	64	0	64	0.00007
<i>Gemmatimonas aurantiaca</i>	173480	S	12	4	16	0.00002
<i>Gemmatimonas phototrophica</i>	1379270	S	12	5	17	0.00002
<i>Neisseria elongata</i>	495	S	10778	20765	31543	0.03567
<i>Neisseria lactamica</i>	486	S	2033	43354	45387	0.05132
<i>Neisseria sp. KEM232</i>	655307	S	266	184	450	0.00051
<i>Neisseria sp. 10023</i>	1853278	S	202	74	276	0.00031
<i>Neisseria meningitidis</i>	487	S	190	4016	4206	0.00476
<i>Eikenella corrodens</i>	539	S	7049	1300	8349	0.00944
<i>Snodgrassella alvi</i>	1196083	S	297	11	308	0.00035
<i>Simonsiella muelleri</i>	72	S	61	3	64	0.00007
<i>Vitreoscilla sp. C1</i>	96942	S	41	1	42	0.00005
<i>Jeongeupia sp. USM3</i>	1906741	S	21	16	37	0.00004
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	28450	S	20	3310	3330	0.00377
<i>Polynucleobacter difficilis</i>	556054	S	10	0	10	0.00001
<i>Burkholderiales bacterium YL45</i>	1834205	S	221	5	226	0.00026
<i>Paucibacter sp. KCTC 42545</i>	1768242	S	141	20	161	0.00018
<i>Methylibium petroleiphilum</i>	105560	S	11	3	14	0.00002
<i>Ottowia sp. oral taxon 894</i>	1658672	S	185	98	283	0.00032
<i>Sutterella sp. 6FBBBH3</i>	2259134	S	23	1	24	0.00003
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	729	S	39059	10616	49675	0.05617
<i>Haemophilus influenzae</i>	727	S	16	65	81	0.00009
<i>[Haemophilus] ducreyi</i>	730	S	12	2	14	0.00002

<i>Aggregatibacter seignis</i>	739	S	5046	319	5365	0.00607
<i>Aggregatibacter aphrophilus</i>	732	S	276	13	289	0.00033
<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i>	714	S	10	0	10	0.00001
<i>Histophilus somni</i>	731	S	151	15	166	0.00019
<i>Glaesserella parasuis</i>	738	S	50	6	56	0.00006
<i>Actinobacillus succinogenes</i>	67854	S	23	0	23	0.00003
<i>Pasteurella multocida</i>	747	S	19	9	28	0.00003
<i>Escherichia coli</i>	562	S	295	2133	2428	0.00275
<i>Escherichia albertii</i>	208962	S	38	12	50	0.00006
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	573	S	102	735	837	0.00095
<i>Klebsiella variicola</i>	244366	S	22	94	116	0.00013
<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	1463165	S	16	43	59	0.00007
<i>Salmonella entérica</i>	28901	S	135	7043	7178	0.00812
<i>secondary endosymbiont of Ctenarytaina eucalypti</i>	1199245	S	26	8	34	0.00004
<i>Enterobacter cloacae</i>	550	S	30	83	113	0.00013
<i>Yersinia frederiksenii</i>	29484	S	43	536	579	0.00065
<i>Yersinia enterocolitica</i>	630	S	37	10	47	0.00005
<i>Yersinia entomophaga</i>	935293	S	29	9	38	0.00004
<i>Yersinia pestis</i>	632	S	15	4387	4402	0.00498
<i>Chania multitudinisentens</i>	1639108	S	15	4	19	0.00002
<i>Morganella morganii</i>	582	S	66	25	91	0.00010
<i>Candidatus Arsenophonus lipoptenae</i>	634113	S	19	0	19	0.00002
<i>Erwinia pyrifoliae</i>	79967	S	44	25	69	0.00008
<i>Erwinia billingiae</i>	182337	S	13	8	21	0.00002
<i>Candidatus Pantoea carbekii</i>	1235990	S	28	1	29	0.00003
<i>Pantoea sp. PSNIH2</i>	1484157	S	17	252	269	0.00030
<i>Pantoea sp. At-9b</i>	592316	S	14	3	17	0.00002
<i>Candidatus Sodalis pierantonius</i>	1486991	S	45	18	63	0.00007
<i>Moraxella bovoculi</i>	386891	S	5870	699	6569	0.00743
<i>Moraxella catarrhalis</i>	480	S	180	42	222	0.00025
<i>Moraxella osloensis</i>	34062	S	31	0	31	0.00004
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	40214	S	214	507	721	0.00082
<i>Acinetobacter radioresistens</i>	40216	S	12	0	12	0.00001
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	287	S	30	99	129	0.00015
<i>Gilliamella apicola</i>	1196095	S	328	36	364	0.00041
<i>Frischella perrara</i>	1267021	S	131	24	155	0.00018
<i>Dichelobacter nodosus</i>	870	S	352	7	359	0.00041
<i>Shewanella bicestrii</i>	2018305	S	15	133	148	0.00017
<i>Halotalea alkalilenta</i>	376489	S	13	28	41	0.00005
<i>Halorhodospira halophila</i>	1053	S	31	0	31	0.00004
<i>Gammaproteobacteria bacterium ESL0073</i>	2070539	S	27	0	27	0.00003
<i>Tolumonas auensis</i>	43948	S	10	0	10	0.00001
<i>Legionella endosymbiont of Polyplax serrata</i>	2005262	S	10	1	11	0.00001
<i>Campylobacter concisus</i>	199	S	6762	676	7438	0.00841
<i>Campylobacter gracilis</i>	824	S	4639	205	4844	0.00548
<i>Campylobacter ureolyticus</i>	827	S	1481	261	1742	0.00197
<i>Campylobacter hepaticus</i>	1813019	S	88	29	117	0.00013

<i>Campylobacter avium</i>	522485	S	73	5	78	0.00009
<i>Campylobacter hominis</i>	76517	S	20	3	23	0.00003
<i>Campylobacter jejuni</i>	197	S	11	47	58	0.00007
<i>Campylobacter iguaniorum</i>	1244531	S	11	2	13	0.00001
<i>Campylobacter curvus</i>	200	S	10	0	10	0.00001
<i>Helicobacter apodemus</i>	135569	S	460	159	619	0.00070
<i>Wolinella succinogenes</i>	844	S	13	0	13	0.00001
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	44742	S	150	40	190	0.00021
<i>Desulfovibrio piger</i>	901	S	96	43	139	0.00016
Candidatus <i>Desulfovibrio trichonymphae</i>	1725232	S	57	18	75	0.00008
<i>Desulfovibrio hydrothermalis</i>	191026	S	18	6	24	0.00003
<i>Desulfovibrio africanus</i>	873	S	10	1	11	0.00001
<i>Desulfomicrobium orale</i>	132132	S	138	306	444	0.00050
<i>Desulfobulbus</i> sp. ORNL	1986146	S	153	372	525	0.00059
<i>Chondromyces crocatus</i>	52	S	49	8	57	0.00006
<i>Sandaracinus amylolyticus</i>	927083	S	17	2	19	0.00002
<i>Syntrophobacter fumaroxidans</i>	119484	S	10	35	45	0.00005
Candidatus <i>Babela massiliensis</i>	673862	S	14	3	17	0.00002
<i>Bartonella apis</i>	1686310	S	202	152	354	0.00040
<i>Bosea</i> sp. AS-1	2015316	S	18	176	194	0.00022
<i>Asticcacaulis excentricus</i>	78587	S	88	26	114	0.00013
<i>Parasaccharibacter apium</i>	1510841	S	62	14	76	0.00009
<i>Asaia bogorensis</i>	91915	S	38	14	52	0.00006
<i>Magnetospira</i> sp. QH-2	1288970	S	39	12	51	0.00006
<i>Paracoccus</i> sp. SC2-6	2259340	S	38	84	122	0.00014
<i>Sphingobium yanoikuyae</i>	13690	S	16	30	46	0.00005
Candidatus <i>Fonsibacter ubiquis</i>	1925548	S	43	3	46	0.00005
<i>Rickettsia endosymbiont of Bemisia tabaci</i>	337479	S	12	2	14	0.00002
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	860	S	23383	5940	29323	0.03316
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	851	S	13943	580	14523	0.01642
<i>Fusobacterium hwasookii</i>	1583098	S	242	1626	1868	0.00211
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	859	S	15	4	19	0.00002
<i>Leptotrichia buccalis</i>	40542	S	8431	1299	9730	0.01100
<i>Leptotrichia</i> sp. oral taxon 212	712357	S	4210	333	4543	0.00514
<i>Leptotrichia</i> sp. oral taxon 847	1785996	S	1163	457	1620	0.00183
<i>Leptotrichia</i> sp. oral taxon 498	712368	S	234	93	327	0.00037
<i>Streptobacillus moniliformis</i>	34105	S	1121	147	1268	0.00143
<i>Sneathia amnii</i>	187101	S	239	18	257	0.00029
<i>Treponema</i> sp. OMZ 838	1539298	S	4842	2081	6923	0.00783
<i>Treponema denticola</i>	158	S	2548	-2548	0	0.00000
<i>Treponema succinifaciens</i>	167	S	808	743	1551	0.00175
<i>Treponema pedis</i>	409322	S	618	54	672	0.00076
<i>Treponema brennaborensis</i>	81028	S	315	317	632	0.00071
Candidatus <i>Saccharibacteria</i> oral taxon TM7x	1476577	S	181	4	185	0.00021
Candidatus <i>Gracilibacteria bacterium</i> HOT-871	1540872	S	81	0	81	0.00009
<i>Planctopirus limnophila</i>	120	S	21	7	28	0.00003

<i>Pirellula staleyii</i>	125	S	15	4	19	0.00002
<i>Candidatus Kuenenia stuttgartiensis</i>	174633	S	17	0	17	0.00002
<i>Phycisphaera mikurensis</i>	547188	S	17	9	26	0.00003
<i>Candidatus Koribacter versatilis</i>	658062	S	35	6	41	0.00005
<i>Candidatus Solibacter usitatus</i>	332163	S	50	0	50	0.00006
<i>Luteitalea pratensis</i>	1855912	S	10	1	11	0.00001
<i>Acetomicrobium mobile</i>	97477	S	24	5	29	0.00003
<i>Aminobacterium colombiense</i>	81468	S	16	4	20	0.00002
<i>Homo sapiens</i>	9606	S	9162	121	9283	0.01050
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	2173	S	186	12	198	0.00022
<i>Nitrososphaera viennensis</i>	1034015	S	25	0	25	0.00003

ANEXO 2. Tabla de estimación taxonómica del oncobiooma pulmonar de tipo Adenocarcinoma

TABLA DE ABUNDANCIA A NIVEL TAXONÓMICO ADENOCARCINOMA

Name	Taxonomy _id	Taxonomy _lvl	Kraken _assigned _reads	Added _reads	New_est _reads	Fraction _total _reads
<i>Ralstonia pickettii</i>	329	S	37445	9334	46779	0.12373
[<i>Eubacterium</i>] <i>rectale</i>	39491	S	19337	7232	26569	0.07028
[<i>Clostridium</i>] <i>saccharolyticum</i>	84030	S	16639	4970	21609	0.05716
<i>Prevotella melaninogenica</i>	28132	S	1375	14020	15395	0.04072
<i>Acinetobacter baumannii</i>	470	S	7864	3407	11271	0.02981
<i>Clostridium botulinum</i>	1491	S	425	9833	10258	0.02713
<i>Micrococcus luteus</i>	1270	S	2906	6985	9891	0.02616
<i>Parabacteroides distasonis</i>	823	S	9436	53	9489	0.02510
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	1161942	S	5288	2964	8252	0.02183
<i>Escherichia coli</i>	562	S	18	6715	6733	0.01781
<i>Sphingomonas</i> sp. MM-1	745310	S	3879	2393	6272	0.01659
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	253239	S	1161	4686	5847	0.01547
<i>Bacteroides helcogenes</i>	290053	S	5479	284	5763	0.01524
<i>Oscillibacter valericigenes</i>	351091	S	5505	111	5616	0.01485
<i>Roseburia hominis</i>	301301	S	2700	2866	5566	0.01472
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	1680	S	3608	1733	5341	0.01413
<i>Thermus scotoductus</i>	37636	S	4818	88	4906	0.01298
<i>Clostridioides difficile</i>	1496	S	4388	490	4878	0.01290
<i>Bacteroides vulgatus</i>	821	S	1319	3276	4595	0.01215
<i>Chloracidobacterium thermophilum</i>	458033	S	4545	8	4553	0.01204
<i>Staphylococcus aureus</i>	1280	S	393	4107	4500	0.01190
<i>Streptococcus agalactiae</i>	1311	S	332	4073	4405	0.01165
[<i>Eubacterium</i>] <i>eligens</i>	39485	S	3262	703	3965	0.01049
<i>Veillonella párvula</i>	29466	S	14	3912	3926	0.01038
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	294	S	221	3577	3798	0.01005
<i>Paracoccus denitrificans</i>	266	S	2317	1325	3642	0.00963
<i>Lactobacillus plantarum</i>	1590	S	203	3328	3531	0.00934
<i>Bartonella bacilliformis</i>	774	S	30	3321	3351	0.00886
<i>Bifidobacterium longum</i>	216816	S	2597	639	3236	0.00856
<i>Arthrospira platensis</i>	118562	S	238	2993	3231	0.00855
<i>Salmonella entérica</i>	28901	S	1017	2154	3171	0.00839
<i>Alistipes shahii</i>	328814	S	2011	1146	3157	0.00835
<i>Lachnoclostridium</i>	66219	S	2990	127	3117	0.00824

<i>Phytofermentans</i>						
<i>Campylobacter lari</i>	201	S	2667	239	2906	0.00769
<i>Herbaspirillum seropedicae</i>	964	S	170	2690	2860	0.00756
<i>Nitrosospira multiformis</i>	1231	S	2598	191	2789	0.00738
<i>Ralstonia solanacearum</i>	305	S	2305	480	2785	0.00737
<i>Enterococcus hirae</i>	1354	S	2682	92	2774	0.00734
<i>Renibacterium salmoninarum</i>	1646	S	933	1839	2772	0.00733
<i>Pseudomonas sp. TKP</i>	1415630	S	295	2356	2651	0.00701
<i>Phenyllobacterium zucineum</i>	284016	S	2410	126	2536	0.00671
<i>Conexibacter woesei</i>	191495	S	2526	7	2533	0.00670
<i>Rubinisphaera brasiliensis</i>	119	S	2527	7	2534	0.00670
<i>Bacillus sp. 1NLA3E</i>	666686	S	1696	824	2520	0.00667
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	1717	S	1300	764	2064	0.00546
<i>Brachybacterium faecium</i>	43669	S	2030	9	2039	0.00539
<i>Comamonas testosteroni</i>	285	S	951	974	1925	0.00509
<i>Sphingobium sp. SYK-6</i>	627192	S	1546	332	1878	0.00497
<i>Kytococcus sedentarius</i>	1276	S	1821	17	1838	0.00486
<i>Methylibium petroleiphilum</i>	105560	S	57	1732	1789	0.00473
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	446660	S	557	1181	1738	0.00460
<i>Acidovorax avenae</i>	80867	S	31	1709	1740	0.00460
<i>Pedobacter heparinus</i>	984	S	823	847	1670	0.00442
<i>Rhodopseudomonas palustris</i>	1076	S	26	1639	1665	0.00440
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	818	S	1070	579	1649	0.00436
<i>Opitutus terrae</i>	107709	S	1632	13	1645	0.00435
<i>Eggerthella lenta</i>	84112	S	190	1231	1421	0.00376
<i>Cyclobacterium marinum</i>	104	S	861	515	1376	0.00364
<i>Ruminococcus albus</i>	1264	S	911	421	1332	0.00352
<i>Pseudomonas putida</i>	303	S	475	833	1308	0.00346
<i>Intrasporangium calvum</i>	53358	S	1279	19	1298	0.00343
<i>Gluconacetobacter</i>						
<i>diazotrophicus</i>	33996	S	584	684	1268	0.00335
<i>Haliangium ochraceum</i>	80816	S	959	251	1210	0.00320
<i>Paracoccus aminophilus</i>	34003	S	1056	141	1197	0.00317
<i>Cellulosilyticum lentocellum</i>	29360	S	1114	36	1150	0.00304
<i>Corynebacterium resistens</i>	258224	S	1023	124	1147	0.00303
<i>Sinorhizobium fredii</i>	380	S	1047	95	1142	0.00302
<i>Beijerinckia indica</i>	533	S	1105	8	1113	0.00294
<i>Candidatus Protochlamydia amoebophila</i>	362787	S	1107	1	1108	0.00293
<i>Cutibacterium acnés</i>	1747	S	1051	49	1100	0.00291
<i>Desulfovibrio vulgaris</i>	881	S	806	290	1096	0.00290
<i>Haliscomenobacter hydrossis</i>	2350	S	635	395	1030	0.00272
<i>Pseudonocardia dioxanivorans</i>	240495	S	971	9	980	0.00259
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	1681	S	854	63	917	0.00243
<i>Mahella australiensis</i>	252966	S	763	153	916	0.00242
<i>Gemmatimonas aurantiaca</i>	173480	S	886	0	886	0.00234
<i>Mycolicibacterium smegmatis</i>	1772	S	50	780	830	0.00220
<i>Mobiluncus curtisii</i>	2051	S	811	6	817	0.00216
<i>Rhodoferax ferrireducens</i>	192843	S	682	136	818	0.00216
<i>Neisseria meningitidis</i>	487	S	554	249	803	0.00212
<i>Alcanivorax dieselolei</i>	285091	S	668	122	790	0.00209
<i>Serratia sp. FGI94</i>	671990	S	326	415	741	0.00196
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	573	S	71	661	732	0.00194
<i>Megasphaera elsdenii</i>	907	S	697	21	718	0.00190
<i>Isosphaera pallida</i>	128	S	700	18	718	0.00190
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	85698	S	522	185	707	0.00187

<i>Bacteroides fragilis</i>	817	S	645	34	679	0.00180
<i>Truepera radiovictrix</i>	332249	S	649	24	673	0.00178
<i>Kocuria rhizophila</i>	72000	S	77	579	656	0.00174
<i>Bacillus thuringiensis</i>	1428	S	12	642	654	0.00173
<i>Geobacillus thermoleovorans</i>	33941	S	191	455	646	0.00171
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	287	S	75	532	607	0.00161
<i>Simkania negevensis</i>	83561	S	596	0	596	0.00158
<i>Helicobacter cinaedi</i>	213	S	225	369	594	0.00157
<i>Mageeibacillus indolicus</i>	884684	S	496	92	588	0.00156
<i>Terriglobus saanensis</i>	870903	S	465	119	584	0.00154
<i>Candidatus Koribacter versatilis</i>	658062	S	538	30	568	0.00150
<i>Haemophilus influenzae</i>	727	S	218	342	560	0.00148
<i>Singulisphaera acidiphila</i>	466153	S	512	46	558	0.00148
<i>Alistipes finegoldii</i>	214856	S	325	193	518	0.00137
<i>Bacillus infantis</i>	324767	S	389	118	507	0.00134
<i>Streptococcus mutans</i>	1309	S	491	2	493	0.00130
<i>Lactobacillus salivarius</i>	1624	S	331	155	486	0.00129
<i>Bacteroides salanitronis</i>	376805	S	446	8	454	0.00120
<i>Actinosynnema mirum</i>	40567	S	404	40	444	0.00117
<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	28264	S	36	398	434	0.00115
<i>Moorella thermoacetica</i>	1525	S	92	333	425	0.00112
<i>Candidatus Solibacter usitatus</i>	332163	S	422	0	422	0.00112
<i>Coraliomargarita akajimensis</i>	395922	S	396	23	419	0.00111
<i>Sorangium cellulosum</i>	56	S	332	81	413	0.00109
<i>Saccharopolyspora erythraea</i>	1836	S	388	4	392	0.00104
<i>Bacillus cereus</i>	1396	S	77	274	351	0.00093
<i>Agrobacterium vitis</i>	373	S	348	5	353	0.00093
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	40324	S	159	181	340	0.00090
<i>Alkalilimnicola ehrlichii</i>	351052	S	323	15	338	0.00089
<i>Thermodesulfobium narugense</i>	184064	S	332	0	332	0.00088
<i>Microbacterium testaceum</i>	2033	S	248	83	331	0.00088
<i>Alteromonas mediterranea</i>	314275	S	55	275	330	0.00087
<i>Acetohalobium arabaticum</i>	28187	S	321	1	322	0.00085
<i>Streptococcus thermophilus</i>	1308	S	27	289	316	0.00084
<i>Vibrio furnissii</i>	29494	S	241	78	319	0.00084
<i>Planctopirus limnophila</i>	120	S	308	1	309	0.00082
<i>Flavobacterium branchiophilum</i>	55197	S	91	207	298	0.00079
<i>Rhodobacter sphaeroides</i>	1063	S	264	32	296	0.00078
<i>Agrobacterium sp. H13-3</i>	861208	S	260	30	290	0.00077
<i>Enterobacter sp. R4-368</i>	1166130	S	227	60	287	0.00076
<i>Akkermansia muciniphila</i>	239935	S	251	33	284	0.00075
<i>Plautia stali symbiont</i>	891974	S	238	29	267	0.00071
<i>Leadbetterella byssofila</i>	316068	S	184	80	264	0.00070
<i>Acidovorax sp. KKS102</i>	358220	S	59	200	259	0.00069
<i>Granulicella mallensis</i>	940614	S	219	41	260	0.00069
<i>Flavobacteriaceae bacterium 3519-10</i>	531844	S	209	43	252	0.00067
<i>Geobacillus sp. GHH01</i>	1233873	S	135	111	246	0.00065
<i>Desulfotomaculum acetoxidans</i>	58138	S	217	24	241	0.00064
<i>Methylothermobacter versatilis</i>	1055487	S	40	201	241	0.00064
<i>Novosphingobium aromaticivorans</i>	48935	S	222	19	241	0.00064
<i>Xanthomonas albilineans</i>	29447	S	155	79	234	0.00062
<i>Methylacidiphilum infernorum</i>	511746	S	220	6	226	0.00060
<i>Caldilinea aerophila</i>	133453	S	220	4	224	0.00059
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	851	S	185	35	220	0.00058
<i>Lactobacillus ruminis</i>	1623	S	205	5	210	0.00056

<i>Bordetella avium</i>	521	S	190	23	213	0.00056
<i>Sphingobacterium sp. 21</i>	743722	S	139	56	195	0.00052
<i>Riemerella anatipestifer</i>	34085	S	114	59	173	0.00046
<i>Methylobacterium radiotolerans</i>	31998	S	15	155	170	0.00045
<i>Hyphomicrobium nitratorans</i>	1427356	S	144	17	161	0.00043
<i>Mycoplasma crocodyli</i>	50052	S	157	1	158	0.00042
<i>Ramlibacter tataouinensis</i>	94132	S	67	90	157	0.00042
<i>Pantoea vagans</i>	470934	S	134	26	160	0.00042
<i>Leifsonia xyli</i>	1575	S	87	65	152	0.00040
<i>Geobacter sulfurreducens</i>	35554	S	123	27	150	0.00040
<i>Acidobacterium capsulatum</i>	33075	S	122	30	152	0.00040
<i>Pelagibacterium halotolerans</i>	531813	S	137	10	147	0.00039
<i>Mycobacterium sp. JS623</i>	212767	S	28	112	140	0.00037
<i>Mycoplasma conjunctivae</i>	45361	S	138	0	138	0.00037
<i>Lactobacillus reuteri</i>	1598	S	123	14	137	0.00036
<i>Fibrella aestuarina</i>	651143	S	116	21	137	0.00036
<i>Sphingopyxis alaskensis</i>	117207	S	125	8	133	0.00035
<i>Nocardioides sp. JS614</i>	196162	S	123	1	124	0.00033
<i>Hyphomicrobium sp. MC1</i>	717785	S	101	25	126	0.00033
<i>Rahnella aquatilis</i>	34038	S	30	86	116	0.00031
<i>Photobacterium profundum</i>	74109	S	110	9	119	0.00031
<i>Eubacterium limosum</i>	1736	S	106	7	113	0.00030
<i>Streptosporangium roseum</i>	2001	S	90	18	108	0.00029
<i>Prevotella denticola</i>	28129	S	110	0	110	0.00029
<i>Cupriavidus pinatubonensis</i>	248026	S	36	69	105	0.00028
<i>Acetobacter pasteurianus</i>	438	S	20	87	107	0.00028
<i>Methylocystis sp. SC2</i>	187303	S	102	1	103	0.00027
<i>Sulfuricella denitrificans</i>	649841	S	73	25	98	0.00026
<i>Rickettsia amblyommatis</i>	33989	S	42	54	96	0.00025
<i>Collimonas fungivorans</i>	158899	S	86	5	91	0.00024
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	652716	S	92	0	92	0.00024
<i>Meiothermus silvanus</i>	52022	S	87	1	88	0.00023
<i>Frateuria aurantia</i>	81475	S	85	3	88	0.00023
<i>Rhodospirillum centenum</i>	34018	S	13	69	82	0.00022
<i>Gardnerella vaginalis</i>	2702	S	75	3	78	0.00021
<i>Methylocella silvestris</i>	199596	S	78	1	79	0.00021
<i>Chitinophaga pinensis</i>	79329	S	62	15	77	0.00020
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	485	S	55	18	73	0.00019
<i>Rhodanobacter denitrificans</i>	666685	S	66	4	70	0.00019
<i>Aeromonas hydrophila</i>	644	S	52	19	71	0.00019
<i>Bacillus mycoides</i>	1405	S	21	48	69	0.00018
<i>Cupriavidus metallidurans</i>	119219	S	16	52	68	0.00018
<i>Micavibrio aeruginosavorus</i>	349221	S	67	0	67	0.00018
<i>Acidimicrobium ferrooxidans</i>	53635	S	59	0	59	0.00016
<i>Thauera sp. MZ1T</i>	85643	S	38	24	62	0.00016
<i>Spiribacter curvatus</i>	1335757	S	57	5	62	0.00016
<i>Nitrosococcus halophilus</i>	133539	S	44	16	60	0.00016
<i>Thiomicrospira ciclica</i>	147268	S	58	1	59	0.00016
<i>Raoultella ornithinolytica</i>	54291	S	18	37	55	0.00015
<i>Vibrio cholerae</i>	666	S	23	32	55	0.00015
<i>Paludibacter propionigenes</i>	185300	S	58	0	58	0.00015
<i>Weeksella virosa</i>	1014	S	45	12	57	0.00015
<i>Acholeplasma laidlawii</i>	2148	S	22	32	54	0.00014
<i>Thermobacillus composti</i>	377615	S	50	0	50	0.00013
<i>Ferrimonas balearica</i>	44012	S	47	3	50	0.00013
<i>Chelativorans sp. BNC1</i>	266779	S	48	0	48	0.00013
<i>Niastella koreensis</i>	354356	S	37	13	50	0.00013

<i>Finegoldia magna</i>	1260	S	39	5	44	0.00012
<i>Deinococcus radiodurans</i>	1299	S	47	0	47	0.00012
<i>Roseiflexus castenholzii</i>	120962	S	14	33	47	0.00012
<i>Brevundimonas subvibrioides</i>	74313	S	43	1	44	0.00012
<i>Owenweeksia hongkongensis</i>	253245	S	43	3	46	0.00012
<i>BeAn 58058 virus</i>	67082	S	46	0	46	0.00012
<i>Eggerthella sp. YY7918</i>	502558	S	15	25	40	0.00011
<i>Azoarcus sp. KH32C</i>	748247	S	34	9	43	0.00011
<i>Pseudomonas syringae group genomosp. 3</i>	251701	S	26	17	43	0.00011
<i>Clostridium sp. SY8519</i>	1042156	S	28	9	37	0.00010
<i>Acetoanaerobium sticklandii</i>	1511	S	37	0	37	0.00010
<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>	1648	S	32	5	37	0.00010
<i>Pantoea ananatis</i>	553	S	29	8	37	0.00010
<i>Flavobacterium indicum</i>	312277	S	16	22	38	0.00010
<i>Butyrivibrio proteoclasticus</i>	43305	S	35	0	35	0.00009
<i>Candidatus Puniceispirillum marinum</i>	767892	S	34	0	34	0.00009
<i>Leptotrichia buccalis</i>	40542	S	32	1	33	0.00009
<i>Kosmotoga olearia</i>	651457	S	28	6	34	0.00009
<i>Marinitoga piezophila</i>	149715	S	15	18	33	0.00009
<i>Treponema brennaborensense</i>	81028	S	20	13	33	0.00009
<i>Denitrovibrio acetiphilus</i>	118000	S	35	0	35	0.00009
<i>Exiguobacterium sibiricum</i>	332410	S	17	13	30	0.00008
<i>Anaerococcus prevotii</i>	33034	S	27	3	30	0.00008
<i>Methylomonas methanica</i>	421	S	31	0	31	0.00008
<i>Filifactor alocis</i>	143361	S	23	5	28	0.00007
<i>Brevibacillus brevis</i>	1393	S	28	0	28	0.00007
<i>Thermomonospora curvata</i>	2020	S	18	7	25	0.00007
<i>Rubrobacter xylanophilus</i>	49319	S	27	0	27	0.00007
<i>Thiobacillus denitrificans</i>	36861	S	17	9	26	0.00007
<i>Dechloromonas aromatica</i>	259537	S	22	3	25	0.00007
<i>Enterobacter cloacae</i>	550	S	12	14	26	0.00007
<i>Hirschia báltica</i>	2724	S	14	12	26	0.00007
<i>Fluviicola taffensis</i>	191579	S	25	2	27	0.00007
<i>Ilyobacter polytropus</i>	167642	S	26	2	28	0.00007
<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	1625	S	20	4	24	0.00006
<i>Atopobium parvulum</i>	1382	S	19	5	24	0.00006
<i>Lactococcus lactis</i>	1358	S	18	0	18	0.00005
<i>Corynebacterium urealyticum</i>	43771	S	15	4	19	0.00005
<i>Rhodococcus hoagii</i>	43767	S	17	1	18	0.00005
<i>Kribbella flavida</i>	182640	S	20	0	20	0.00005
<i>Acidothermus cellulolyticus</i>	28049	S	19	0	19	0.00005
<i>Chromohalobacter salexigens</i>	158080	S	18	1	19	0.00005
<i>Shewanella loihica</i>	359303	S	16	2	18	0.00005
<i>Tannerella forsythia</i>	28112	S	18	0	18	0.00005
<i>Cytophaga hutchinsonii</i>	985	S	15	3	18	0.00005
<i>Thermovirga lienii</i>	336261	S	17	1	18	0.00005
<i>Mycolicibacterium rhodesiae</i>	36814	S	17	0	17	0.00004
<i>Oceanithermus profundus</i>	187137	S	15	0	15	0.00004
<i>Anaerolinea thermophila</i>	167964	S	14	0	14	0.00004
<i>Mycoplasma synoviae</i>	2109	S	14	0	14	0.00004
<i>Shewanella pealeana</i>	70864	S	13	1	14	0.00004
<i>Hydrogenovibrio crunogenus</i>	39765	S	15	0	15	0.00004
<i>Prevotella ruminicola</i>	839	S	15	0	15	0.00004
<i>Candidatus Azobacteroides</i>	511435	S	17	0	17	0.00004

<i>Pseudotriconymphae</i>						
<i>Pirellula staleyii</i>	125	S	15	0	15	0.00004
<i>Human endogenous retrovirus K</i>	45617	S	16	0	16	0.00004
<i>[Bacillus] selenitireducens</i>	85683	S	13	0	13	0.00003
<i>Saccharothrix espanaensis</i>	103731	S	10	0	10	0.00003
<i>Microlunatus phosphovoros</i>	29405	S	10	0	10	0.00003
<i>Arcobacter butzleri</i>	28197	S	12	0	12	0.00003
<i>Dyadobacter fermentans</i>	94254	S	10	1	11	0.00003
<i>Ictalurid herpesvirus 1</i>	10401	S	13	0	13	0.00003
<i>Tropheryma whipplei</i>	2039	S	1579	-1579	0	0.00000
<i>Candidatus Tremblaya Príncipe</i>	189385	S	35	-35	0	0.00000
<i>Marinobacter adhaerens</i>	1033846	S	17	-17	0	0.00000
<i>Rhodospirillum rubrum</i>	1085	S	37	-37	0	0.00000

ANEXO 3. Tabla de estimación taxonómica del oncobioma pulmonar del carcinoma escamoso

TABLA DE ABUNDANCIA A NIVEL TAXONÓMICO CARCINOMA ESCAMOSO

Name	Taxonomy_id	Taxonomy_lvl	Kraken_assigned_reads	Added_reads	New_est_reads	Fraction_total_reads
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1313	S	2787	489732	492519	0.15654
<i>Ralstonia pickettii</i>	329	S	13391	146558	159949	0.05084
<i>Veillonella parvula</i>	29466	S	148420	4355	152775	0.04856
<i>Yersinia pestis</i>	632	S	208	106588	106796	0.03394
<i>Leptotrichia buccalis</i>	40542	S	39845	66001	105846	0.03364
<i>Prevotella intermedia</i>	28131	S	29659	53450	83109	0.02641
<i>Sphingomonas hengshuiensis</i>	1609977	S	2484	76454	78938	0.02509
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	652716	S	44151	32171	76322	0.02426
<i>Prevotella melaninogenica</i>	28132	S	17694	48577	66271	0.02106
<i>Staphylococcus aureus</i>	1280	S	4162	61404	65566	0.02084
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	28450	S	75	64804	64879	0.02062
<i>Cupriavidus gilardii</i>	82541	S	8061	48421	56482	0.01795
<i>Micrococcus luteus</i>	1270	S	2089	50945	53034	0.01686
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	729	S	17132	19012	36144	0.01149
<i>Neisseria lactamica</i>	486	S	87	35854	35941	0.01142
<i>Cutibacterium acnés</i>	1747	S	3237	31303	34540	0.01098
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	860	S	22437	10691	33128	0.01053
<i>Selenomonas sp. oral taxon 478</i>	712538	S	1019	30538	31557	0.01003
<i>Actinomyces pacaensis</i>	1852377	S	1586	28348	29934	0.00951
<i>Sphingomonas sp. LK11</i>	1390395	S	476	28752	29228	0.00929
<i>Arachidicoccus sp. BS20</i>	1850526	S	2727	24874	27601	0.00877
<i>Campylobacter concisus</i>	199	S	13567	12879	26446	0.00841
<i>Selenomonas sp. oral taxon 136</i>	713030	S	909	24773	25682	0.00816
<i>Rothia mucilaginosa</i>	43675	S	3471	19880	23351	0.00742
<i>Streptococcus infantarius</i>	102684	S	199	20417	20616	0.00655
<i>Atopobium parvulum</i>	1382	S	18352	821	19173	0.00609
<i>Bosea sp. AS-1</i>	2015316	S	3242	14228	17470	0.00555
<i>Rothia dentocariosa</i>	2047	S	4353	12509	16862	0.00536
<i>Salmonella entérica</i>	28901	S	70	16448	16518	0.00525

<i>Capnocytophaga leadbetteri</i>	327575	S	7202	9218	16420	0.00522
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	169292	S	5926	9374	15300	0.00486
<i>Corynebacterium cystitidis</i>	35757	S	10257	3853	14110	0.00448
<i>Lactobacillus fermentum</i>	1613	S	8510	5549	14059	0.00447
<i>Neisseria meningitidis</i>	487	S	31	12294	12325	0.00392
<i>Leptotrichia sp. oral taxon 212</i>	712357	S	6664	5384	12048	0.00383
<i>Candidatus Saccharibacteria oral taxon TM7x</i>	1476577	S	9737	647	10384	0.00330
<i>Lachnoanaerobaculum umeaense</i>	617123	S	6479	3339	9818	0.00312
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	246787	S	4004	5353	9357	0.00297
<i>Rhodopseudomonas palustris</i>	1076	S	341	8986	9327	0.00296
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	573	S	58	9063	9121	0.00290
<i>Dialister sp. Marseille-P5638</i>	2161821	S	8833	149	8982	0.00285
<i>Megasphaera elsdenii</i>	907	S	1493	6960	8453	0.00269
<i>Neomicrococcus aestuarii</i>	556325	S	711	7294	8005	0.00254
<i>Flavobacterium branchiophilum</i>	55197	S	4567	3261	7828	0.00249
<i>Gemella morbillorum</i>	29391	S	7107	525	7632	0.00243
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	851	S	7395	8	7403	0.00235
<i>Streptococcus thermophilus</i>	1308	S	54	6876	6930	0.00220
<i>Neisseria subflava</i>	28449	S	111	6811	6922	0.00220
<i>Sphingomonas sp. KC8</i>	1030157	S	250	6359	6609	0.00210
<i>Streptococcus agalactiae</i>	1311	S	183	5967	6150	0.00195
<i>Lachnospiraceae bacterium GAM79</i>	2109691	S	914	4949	5863	0.00186
<i>Escherichia coli</i>	562	S	271	5101	5372	0.00171
<i>Prevotella jejuni</i>	1177574	S	2123	3165	5288	0.00168
<i>Jeotgalibaca sp. PTS2502</i>	1903686	S	4013	1172	5185	0.00165
<i>Lachnoclostridium phocaeense</i>	1871021	S	497	4562	5059	0.00161
<i>Dermacoccus nishinomiyaensis</i>	1274	S	700	3812	4512	0.00143
<i>Scytonema sp. HK-05</i>	1137095	S	1245	3119	4364	0.00139
<i>Microbacterium sp. PM5</i>	2014534	S	1054	3049	4103	0.00130
<i>Massilia violaceinigra</i>	2045208	S	1572	2466	4038	0.00128
<i>Paucibacter sp. KCTC 42545</i>	1768242	S	1172	2691	3863	0.00123
<i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i>	2109690	S	832	2933	3765	0.00120
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	853	S	2310	1327	3637	0.00116
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	837	S	1897	1504	3401	0.00108
<i>Bacillus coagulans</i>	1398	S	2965	203	3168	0.00101
<i>Acinetobacter radioresistens</i>	40216	S	346	2845	3191	0.00101
<i>Limnohabitans sp. 103DPR2</i>	1678129	S	772	2158	2930	0.00093
<i>Limnohabitans sp. 63ED37-2</i>	1678128	S	486	2442	2928	0.00093
<i>Pseudomonas stutzeri</i>	316	S	13	2874	2887	0.00092
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	85698	S	409	2378	2787	0.00089
<i>Lawsonella clevelandensis</i>	1528099	S	1521	1226	2747	0.00087
<i>Campylobacter gracilis</i>	824	S	1979	755	2734	0.00087
<i>[Eubacterium] sulci</i>	143393	S	2442	260	2702	0.00086
<i>Hymenobacter sedentarius</i>	1411621	S	2048	669	2717	0.00086
<i>Brochothrix thermosphacta</i>	2756	S	2472	206	2678	0.00085
<i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>	1719	S	1328	1281	2609	0.00083
<i>Selenomonas sputigena</i>	69823	S	2289	282	2571	0.00082

<i>Corynebacterium kroppenstedtii</i>	161879	S	1481	1077	2558	0.00081
<i>Acinetobacter sp. ACNIH1</i>	1636603	S	40	2496	2536	0.00081
<i>Parabacteroides sp. CT06</i>	2025876	S	215	2205	2420	0.00077
<i>Aggregatibacter aphrophilus</i>	732	S	1540	737	2277	0.00072
<i>Dichelobacter nodosus</i>	870	S	1980	189	2169	0.00069
<i>Rhodobacter capsulatus</i>	1061	S	1337	795	2132	0.00068
<i>Lachnospirillum phytofermentans</i>	66219	S	527	1546	2073	0.00066
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	831	S	474	1594	2068	0.00066
<i>Burkholderia stabilis</i>	95485	S	33	2056	2089	0.00066
<i>Moraxella osloensis</i>	34062	S	1800	289	2089	0.00066
<i>Eikenella corrodens</i>	539	S	12	2021	2033	0.00065
<i>Halomonas sp. 1513</i>	1883416	S	440	1619	2059	0.00065
<i>Corynebacterium imitans</i>	156978	S	760	1238	1998	0.00064
<i>Coralimargarita akajimensis</i>	395922	S	1995	25	2020	0.00064
<i>Butyrivibrio proteoclasticus</i>	43305	S	229	1761	1990	0.00063
<i>Paracoccus aminovorans</i>	34004	S	694	1297	1991	0.00063
<i>Simplicispira suum</i>	2109915	S	184	1700	1884	0.00060
<i>Mordavella sp. Marseille-P3756</i>	2086584	S	1109	731	1840	0.00058
<i>Candidatus Nanopelagicus hibericus</i>	1884915	S	305	1531	1836	0.00058
<i>Streptococcus pyogenes</i>	1314	S	314	1482	1796	0.00057
<i>Corynebacterium ureicelerivorans</i>	401472	S	572	1189	1761	0.00056
<i>Isosphaera pallida</i>	128	S	514	1258	1772	0.00056
<i>Selenomonas sp. oral taxon 920</i>	1884263	S	750	989	1739	0.00055
<i>Serratia plymuthica</i>	82996	S	15	1717	1732	0.00055
<i>Actinomyces sp. oral taxon 897</i>	2081702	S	16	1605	1621	0.00052
<i>Ralstonia insidiosa</i>	190721	S	374	1267	1641	0.00052
<i>Rhizobium sp. NT-26</i>	1125847	S	243	1383	1626	0.00052
<i>Candidatus Koribacter versatilis</i>	658062	S	789	857	1646	0.00052
<i>Roseburia hominis</i>	301301	S	150	1424	1574	0.00050
<i>Campylobacter ureolyticus</i>	827	S	534	991	1525	0.00048
<i>Castellaniella defragrans</i>	75697	S	362	1001	1363	0.00043
<i>Akkermansia muciniphila</i>	239935	S	29	1250	1279	0.00041
<i>Lactobacillus reuteri</i>	1598	S	1082	187	1269	0.00040
<i>Micropruina glycogenica</i>	75385	S	416	822	1238	0.00039
<i>Burkholderia mallei</i>	13373	S	21	1163	1184	0.00038
<i>Massilia timonae</i>	47229	S	311	887	1198	0.00038
<i>Brevibacterium linens</i>	1703	S	33	1099	1132	0.00036
<i>Aeromonas media</i>	651	S	11	1123	1134	0.00036
<i>Corynebacterium maris</i>	575200	S	458	620	1078	0.00034
<i>Simonsiella muelleri</i>	72	S	30	1039	1069	0.00034
<i>Microbacterium sp. No. 7</i>	1714373	S	131	902	1033	0.00033
<i>Cyanobium sp. NIES-981</i>	1851505	S	236	780	1016	0.00032
<i>Candidatus Symbiobacter mobilis</i>	1436290	S	574	427	1001	0.00032
<i>Anaeromyxobacter sp. Fw109-5</i>	404589	S	631	370	1001	0.00032
<i>Variovorax boronicumulans</i>	436515	S	97	875	972	0.00031
<i>Rubinisphaera brasiliensis</i>	119	S	745	237	982	0.00031
<i>Mageeibacillus indolicus</i>	884684	S	732	218	950	0.00030
<i>Clostridium sp. SY8519</i>	1042156	S	745	211	956	0.00030

<i>Verrucomicrobia bacterium IMCC26134</i>	1637999	S	826	123	949	0.00030
<i>Oscillibacter sp. PEA192</i>	2109687	S	519	362	881	0.00028
<i>[Eubacterium] hallii</i>	39488	S	544	265	809	0.00026
<i>Bacteroides ovatus</i>	28116	S	83	734	817	0.00026
<i>Pedobacter cryoconitis</i>	188932	S	76	752	828	0.00026
<i>Anaerostipes hadrus</i>	649756	S	265	530	795	0.00025
<i>Prevotella dentalis</i>	52227	S	454	292	746	0.00024
<i>Austwickia chelonae</i>	100225	S	301	412	713	0.00023
<i>Roseateles depolymerans</i>	76731	S	185	552	737	0.00023
<i>Starkeya novella</i>	921	S	174	560	734	0.00023
<i>Prevotella denticola</i>	28129	S	355	383	738	0.00023
<i>Draconibacterium orientale</i>	1168034	S	544	170	714	0.00023
<i>Cellulosilyticum lentocellum</i>	29360	S	531	174	705	0.00022
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	1017	S	376	311	687	0.00022
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	1161942	S	630	29	659	0.00021
<i>Yersinia frederiksenii</i>	29484	S	52	609	661	0.00021
<i>Stenotrophomonas acidaminiphila</i>	128780	S	397	274	671	0.00021
<i>Verrucomicrobium spinosum</i>	2736	S	56	610	666	0.00021
<i>Bifidobacterium longum</i>	216816	S	50	577	627	0.00020
<i>Thiomonas sp. X19</i>	1050370	S	145	486	631	0.00020
<i>Methylobacterium radiotolerans</i>	31998	S	130	498	628	0.00020
<i>Filimonas lacunae</i>	477680	S	60	570	630	0.00020
<i>[Pseudomonas] mesoacidophila</i>	265293	S	11	601	612	0.00019
<i>[Eubacterium] rectale</i>	39491	S	189	373	562	0.00018
<i>[Eubacterium] eligens</i>	39485	S	452	107	559	0.00018
<i>Sinomonas atrocyanea</i>	37927	S	32	532	564	0.00018
<i>Burkholderiales bacterium YL45</i>	1834205	S	429	130	559	0.00018
<i>Acinetobacter soli</i>	487316	S	38	532	570	0.00018
<i>Alkalilimnicola ehrlichii</i>	351052	S	16	565	581	0.00018
<i>Prevotella enoeca</i>	76123	S	281	283	564	0.00018
<i>Lacunisphaera limnophila</i>	1838286	S	457	98	555	0.00018
<i>Treponema succinifaciens</i>	167	S	29	529	558	0.00018
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	1297617	S	440	105	545	0.00017
<i>Aeromonas veronii</i>	654	S	13	510	523	0.00017
<i>Methylobacterium sp. 4-46</i>	426117	S	211	309	520	0.00017
<i>Rickettsia raoultii</i>	369822	S	488	36	524	0.00017
<i>Actinomyces meyeri</i>	52773	S	14	488	502	0.00016
<i>Bifidobacterium actinocoloniiforme</i>	638619	S	345	152	497	0.00016
<i>Phenylobacterium sp. HYN0004</i>	2201350	S	289	220	509	0.00016
<i>Cupriavidus metallidurans</i>	119219	S	61	422	483	0.00015
<i>Phenylobacterium zucineum</i>	284016	S	202	260	462	0.00015
<i>Bacteroidales bacterium CF</i>	1400053	S	328	159	487	0.00015
<i>Actinomyces sp. Z16</i>	2079536	S	10	437	447	0.00014
<i>Shewanella bicestrii</i>	2018305	S	17	426	443	0.00014
<i>Sphingomonas indica</i>	941907	S	16	421	437	0.00014
<i>Methylocystis sp. SC2</i>	187303	S	216	211	427	0.00014
<i>Hymenobacter nivis</i>	1850093	S	214	233	447	0.00014
<i>Candidatus Amoebophilus asiaticus</i>	281120	S	406	42	448	0.00014

<i>Streptococcus parauberis</i>	1348	S	107	298	405	0.00013
<i>Filifactor alocis</i>	143361	S	318	106	424	0.00013
<i>Bacillus subtilis</i>	1423	S	22	354	376	0.00012
<i>Faecalibaculum rodentium</i>	1702221	S	360	9	369	0.00012
<i>Nocardioides dokdonensis</i>	450734	S	91	276	367	0.00012
<i>Candidatus Methylopusillus turicensis</i>	1581680	S	11	363	374	0.00012
<i>Campylobacter cuniculorum</i>	374106	S	152	235	387	0.00012
<i>Desulfuromonas soudanensis</i>	1603606	S	103	280	383	0.00012
<i>Prevotella scopos</i>	589437	S	102	275	377	0.00012
<i>Ruminococcus albus</i>	1264	S	330	5	335	0.00011
<i>Parvimonas micra</i>	33033	S	222	138	360	0.00011
<i>Kytococcus sedentarius</i>	1276	S	40	300	340	0.00011
<i>Propionibacterium sp. oral taxon 193</i>	671223	S	14	330	344	0.00011
<i>Parasaccharibacter apium</i>	1510841	S	155	201	356	0.00011
<i>Gemmata obscuriglobus</i>	114	S	174	167	341	0.00011
<i>Streptococcus iniae</i>	1346	S	156	151	307	0.00010
<i>Lactococcus lactis</i>	1358	S	24	299	323	0.00010
<i>Acetoanaerobium sticklandii</i>	1511	S	310	15	325	0.00010
<i>Rhodococcus sp. S2-17</i>	1990687	S	17	289	306	0.00010
<i>Streptomyces sp. SAT1</i>	1849967	S	30	278	308	0.00010
<i>Hydrogenophaga sp. PBC</i>	795665	S	20	289	309	0.00010
<i>[Polyangium] brachysporum</i>	413882	S	80	242	322	0.00010
<i>Aquiflexum balticum</i>	280473	S	61	248	309	0.00010
<i>Streptococcus mutans</i>	1309	S	206	72	278	0.00009
<i>Carnobacterium maltaromaticum</i>	2751	S	228	43	271	0.00009
<i>Anaerolineaceae bacterium oral taxon 439</i>	1889813	S	276	12	288	0.00009
<i>Verminephrobacter eiseniae</i>	364317	S	43	240	283	0.00009
<i>Vitreoscilla sp. C1</i>	96942	S	23	253	276	0.00009
<i>Fibrella sp. ES10-3-2-2</i>	1834519	S	260	37	297	0.00009
<i>Streptococcus suis</i>	1307	S	148	103	251	0.00008
<i>Lactobacillus murinus</i>	1622	S	225	29	254	0.00008
<i>Selenomonas ruminantium</i>	971	S	219	17	236	0.00008
<i>Halobacteroides halobius</i>	42422	S	231	17	248	0.00008
<i>Frankia casuarinae</i>	106370	S	100	148	248	0.00008
<i>Actinobacteria bacterium IMCC26077</i>	1848755	S	176	61	237	0.00008
<i>Pseudarcicella sp. HME7025</i>	2183547	S	155	82	237	0.00008
<i>Luteitalea pratensis</i>	1855912	S	256	3	259	0.00008
<i>Modestobacter marinus</i>	477641	S	48	184	232	0.00007
<i>Yersinia enterocolitica</i>	630	S	76	150	226	0.00007
<i>Pectobacterium wasabiae</i>	55208	S	126	94	220	0.00007
<i>Chromohalobacter salexigens</i>	158080	S	99	117	216	0.00007
<i>Tenacibaculum dicentrarchi</i>	669041	S	62	148	210	0.00007
<i>Bacillus halodurans</i>	86665	S	187	8	195	0.00006
<i>Herbivorax saccincola</i>	1677857	S	62	114	176	0.00006
<i>Dermabacter vaginalis</i>	1630135	S	17	175	192	0.00006
<i>Streptomyces nodosus</i>	40318	S	30	154	184	0.00006
<i>Rahnella sp. Y9602</i>	741091	S	22	152	174	0.00006

<i>Niabella soli</i>	446683	S	26	158	184	0.00006
<i>Pseudopedobacter saltans</i>	151895	S	13	180	193	0.00006
<i>Paeniclostridium sordellii</i>	1505	S	135	31	166	0.00005
<i>Auraticoccus monumento</i>	675864	S	41	111	152	0.00005
<i>Rubrobacter xylanophilus</i>	49319	S	131	34	165	0.00005
<i>Comamonas testosteroni</i>	285	S	118	30	148	0.00005
<i>Candidatus Tachikawaea gelatinosa</i>	1410383	S	130	32	162	0.00005
<i>Moraxella catarrhalis</i>	480	S	125	23	148	0.00005
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	40324	S	40	118	158	0.00005
<i>Acidisphaera sp. G45-3</i>	1969806	S	44	108	152	0.00005
<i>Barnesiella viscericola</i>	397865	S	33	136	169	0.00005
<i>Capnocytophaga sputigena</i>	1019	S	48	108	156	0.00005
<i>Flavisolibacter tropicus</i>	1492898	S	17	126	143	0.00005
<i>Algoriphagus sp. M8-2</i>	1727163	S	77	92	169	0.00005
<i>Candidatus Saccharibacteria bacterium YM_S32_TM7_50_20</i>	2056494	S	170	0	170	0.00005
<i>Streptococcus intermedius</i>	1338	S	50	84	134	0.00004
<i>Megasphaera hexanoica</i>	1675036	S	26	103	129	0.00004
<i>Cellulomonas gilvus</i>	11	S	13	107	120	0.00004
<i>Cutibacterium granulosum</i>	33011	S	26	97	123	0.00004
<i>Conexibacter woesei</i>	191495	S	75	51	126	0.00004
<i>Deinococcus gobiensis</i>	502394	S	115	9	124	0.00004
<i>Cupriavidus taiwanensis</i>	164546	S	24	103	127	0.00004
<i>Rhodoferax antarcticus</i>	81479	S	27	98	125	0.00004
<i>Nitrospira briensis</i>	35799	S	49	79	128	0.00004
<i>Escherichia albertii</i>	208962	S	76	38	114	0.00004
<i>Dokdonella koreensis</i>	323415	S	105	16	121	0.00004
<i>Dyadobacter fermentans</i>	94254	S	96	20	116	0.00004
<i>Candidatus Solibacter usitatus</i>	332163	S	130	1	131	0.00004
<i>Streptococcus respiraculi</i>	2021971	S	62	45	107	0.00003
<i>Lactobacillus ruminis</i>	1623	S	68	15	83	0.00003
<i>Bacillus velezensis</i>	492670	S	19	80	99	0.00003
<i>Selenomonas sp. oral taxon 126</i>	712528	S	38	42	80	0.00003
<i>Herbinix luporum</i>	1679721	S	33	70	103	0.00003
<i>Flavonifractor plautii</i>	292800	S	73	12	85	0.00003
<i>Mycoplasma penetrans</i>	28227	S	18	74	92	0.00003
<i>Paraburkholderia sp. SOS3</i>	1926494	S	42	58	100	0.00003
<i>Candidatus Profftella armatura</i>	669502	S	75	23	98	0.00003
<i>Enterobacter cloacae</i>	550	S	20	75	95	0.00003
<i>Candidatus Sodalys pierantonius</i>	1486991	S	75	28	103	0.00003
<i>Haemophilus sp. oral taxon 036</i>	712310	S	16	76	92	0.00003
<i>Candidatus Phaeomarinobacter Ectocarpi</i>	1458461	S	78	20	98	0.00003
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	1584	S	15	34	49	0.00002
<i>Lactobacillus helveticus</i>	1587	S	11	50	61	0.00002
<i>Bacillus licheniformis</i>	1402	S	17	35	52	0.00002
<i>Lachnospiraceae bacterium oral taxon 500</i>	712991	S	61	15	76	0.00002

<i>Corynebacterium genitalium</i>	38288	S	22	26	48	0.00002
<i>Actinobacteria bacterium IMCC26256</i>	1650658	S	61	3	64	0.00002
<i>Hydromonas sp. F02</i>	2268024	S	39	15	54	0.00002
<i>Massilia sp. NR 4-1</i>	1678028	S	16	40	56	0.00002
<i>Pseudogulbenkiania sp. NH8B</i>	748280	S	17	43	60	0.00002
<i>Candidatus Kinetoplastibacterium sorso- gonicus</i>	1576550	S	21	29	50	0.00002
<i>Yersinia entomophaga</i>	935293	S	27	25	52	0.00002
<i>Vibrio owensii</i>	696485	S	53	19	72	0.00002
<i>Prevotella fusca</i>	589436	S	20	29	49	0.00002
<i>Bacteroides coprosuis</i>	151276	S	36	18	54	0.00002
<i>Hymenobacter sp. PAMC 26628</i>	1484118	S	33	34	67	0.00002
<i>Algoriphagus machipongonensis</i>	388413	S	26	33	59	0.00002
<i>Gemmatimonas aurantiaca</i>	173480	S	66	0	66	0.00002
<i>Leptotrichia sp. oral taxon 847</i>	1785996	S	14	42	56	0.00002
<i>Streptococcus pantholopis</i>	1811193	S	31	6	37	0.00001
<i>Streptococcus marmotae</i>	1825069	S	21	25	46	0.00001
<i>Streptococcus ferus</i>	1345	S	15	3	18	0.00001
<i>Streptococcus sobrinus</i>	1310	S	13	4	17	0.00001
<i>Vagococcus teuberi</i>	519472	S	24	2	26	0.00001
<i>Enterococcus faecalis</i>	1351	S	12	13	25	0.00001
<i>Bacillus thuringiensis</i>	1428	S	17	20	37	0.00001
<i>Bacillus anthracis</i>	1392	S	13	21	34	0.00001
<i>Bacillus cereus</i>	1396	S	10	13	23	0.00001
<i>Anoxybacillus gonensis</i>	198467	S	18	8	26	0.00001
<i>Anaerotignum propionicum</i>	28446	S	30	3	33	0.00001
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	253239	S	18	0	18	0.00001
<i>Dehalobacterium formicoaceticum</i>	51515	S	17	6	23	0.00001
<i>Erysipelothrix larvae</i>	1514105	S	19	1	20	0.00001
<i>Pseudopropionibacterium Propionicum</i>	1750	S	13	27	40	0.00001
<i>Propionimicrobium sp. Marseille-P3275</i>	1871034	S	10	24	34	0.00001
<i>Corynebacterium mycetoides</i>	38302	S	10	31	41	0.00001
<i>Dietzia timorensis</i>	499555	S	11	32	43	0.00001
<i>Trueperella pyogenes</i>	1661	S	11	28	39	0.00001
<i>Thermobifida fusca</i>	2021	S	13	20	33	0.00001
<i>Olsenella sp. Marseille-P2300</i>	1805478	S	26	6	32	0.00001
<i>Caldilinea aerophila</i>	133453	S	22	0	22	0.00001
<i>Neisseriaceae bacterium DSM 100970</i>	2052837	S	13	3	16	0.00001
<i>secondary endosymbiont of Heteropsylla cubana</i>	134287	S	18	1	19	0.00001
<i>Candidatus Pantoea carbekii</i>	1235990	S	23	3	26	0.00001
<i>Erwinia pyrifoliae</i>	79967	S	12	6	18	0.00001
<i>Proteus mirabilis</i>	584	S	19	21	40	0.00001
<i>[Haemophilus] ducreyi</i>	730	S	15	13	28	0.00001
<i>Aggregatibacter segnis</i>	739	S	27	17	44	0.00001
<i>Glaesserella parasuis</i>	738	S	14	9	23	0.00001

<i>Oblitimonas alkaliphila</i>	1697053	S	17	7	24	0.00001
<i>Shewanella benthica</i>	43661	S	14	15	29	0.00001
<i>Psychromonas ingrahamii</i>	357794	S	16	1	17	0.00001
<i>Asticcacaulis excentricus</i>	78587	S	25	7	32	0.00001
<i>Wolbachia endosymbiont of</i>	77038	S	23	2	25	0.00001
<i>Drosophila simulans</i>						
<i>Bacteroides fragilis</i>	817	S	10	8	18	0.00001
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	818	S	10	10	20	0.00001
<i>Candidatus Azobacteroides</i>	511435	S	28	7	35	0.00001
<i>Pseudotrichonymphae</i>						
<i>Muribaculum intestinale</i>	1796646	S	19	7	26	0.00001
<i>Alkalitalea saponilacus</i>	889453	S	14	6	20	0.00001
<i>Marinifilaceae bacterium SPP2</i>	1717717	S	13	5	18	0.00001
<i>Flavobacterium indicum</i>	312277	S	17	19	36	0.00001
<i>Flavobacterium sp. MEBiC07310</i>	2201181	S	10	11	21	0.00001
<i>Chitinophaga sp. MD30</i>	2033437	S	11	33	44	0.00001
<i>Saprospira grandis</i>	1008	S	16	4	20	0.00001
<i>Ilyobacter polytropus</i>	167642	S	20	0	20	0.00001
<i>Kiritimatiella glycovorans</i>	1307763	S	29	2	31	0.00001
<i>Streptococcus constellatus</i>	76860	S	68	-68	0	0.00000
<i>Vagococcus penaei</i>	633807	S	10	0	10	0.00000
<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	283734	S	13	1	14	0.00000
<i>Veillonella rodentium</i>	248315	S	15	0	15	0.00000
<i>Tropheryma whipplei</i>	2039	S	18	-18	0	0.00000
<i>Bifidobacterium dentium</i>	1689	S	137	-137	0	0.00000
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	84110	S	13	2	15	0.00000
<i>Euzebya sp. DY32-46</i>	1608957	S	10	5	15	0.00000
<i>Thermus scotoductus</i>	37636	S	13	0	13	0.00000
<i>Variovorax paradoxus</i>	34073	S	189	-189	0	0.00000
<i>secondary endosymbiont of</i>	1199245	S	13	0	13	0.00000
<i>Ctenarytaina eucalypti</i>						
<i>Candidatus Ishikawaella capsulata</i>	168169	S	10	0	10	0.00000
<i>Pragia fontium</i>	82985	S	11	2	13	0.00000
<i>Pseudoalteromonas phenolica</i>	161398	S	10	1	11	0.00000
<i>Zymomonas mobilis</i>	542	S	45	-45	0	0.00000
<i>Gemmatimonas phototrophica</i>	1379270	S	10	0	10	0.00000

ANEXO 4. Tabla de estimación taxonómica de las heces fecales sanas

TABLA DE ABUNDANCIA A NIVEL TAXONÓMICO FECAL SANO

Name	Taxonomy _id	Taxonomy _lvl	Kraken _assigned _reads	Added _reads	New_est _reads	Fraction _total _reads
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	853	S	154793	64915	219708	0.16087
<i>[Eubacterium] rectale</i>	39491	S	96568	39420	135988	0.09957
<i>Blautia sp. N6H1-15</i>	1912897	S	206	98640	98846	0.07238
<i>Prevotella jejuni</i>	1177574	S	36951	53043	89994	0.06589
<i>Paenicostridium sordellii</i>	1505	S	40587	12668	53255	0.03899
<i>Bacteroides vulgatus</i>	821	S	10878	41862	52740	0.03862
<i>Roseburia hominis</i>	301301	S	15909	25455	41364	0.03029

<i>Anaerostipes hadrus</i>	649756	S	27060	12462	39522	0.02894
[<i>Eubacterium</i>] <i>eligens</i>	39485	S	33137	4702	37839	0.02771
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1313	S	33	1724	1757	0,00129
<i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i>	2109690	S	22015	14099	36114	0.02644
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	853	S	154793	64915	219708	0.16087
[<i>Eubacterium</i>] <i>rectale</i>	39491	S	96568	39420	135988	0.09957
<i>Blautia sp. N6H1-15</i>	1912897	S	206	98640	98846	0.07238
<i>Prevotella jejuni</i>	1177574	S	36951	53043	89994	0.06589
<i>Paeniclostridium sordellii</i>	1505	S	40587	12668	53255	0.03899
<i>Bacteroides vulgatus</i>	821	S	10878	41862	52740	0.03862
<i>Roseburia hominis</i>	301301	S	15909	25455	41364	0.03029
<i>Anaerostipes hadrus</i>	649756	S	27060	12462	39522	0.02894
[<i>Eubacterium</i>] <i>eligens</i>	39485	S	33137	4702	37839	0.02771
<i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i>	2109690	S	22015	14099	36114	0.02644
<i>Bacteroides salanitronis</i>	376805	S	28062	4596	32658	0.02391
<i>Escherichia coli</i>	562	S	714	31162	31876	0.02334
<i>Lachnoclostridium phocaeense</i>	1871021	S	18436	12470	30906	0.02263
<i>Megamonas hypermegale</i>	158847	S	16884	12195	29079	0.02129
<i>Muribaculum intestinale</i>	1796646	S	22699	1194	23893	0.01749
<i>Lachnospiraceae bacterium GAM79</i>	2109691	S	10978	11746	22724	0.01664
<i>Bacteroides dorei</i>	357276	S	3823	15836	19659	0.01439
[<i>Eubacterium</i>] <i>hallii</i>	39488	S	14087	3597	17684	0.01295
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	246787	S	14038	3379	17417	0.01275
<i>Bifidobacterium longum</i>	216816	S	4535	11261	15796	0.01157
<i>Mordavella sp. Marseille-P3756</i>	2086584	S	10951	4503	15454	0.01132
<i>Parabacteroides sp. CT06</i>	2025876	S	5648	8094	13742	0.01006
<i>Bacteroides ovatus</i>	28116	S	5946	5623	11569	0.00847
<i>Collinsella aerofaciens</i>	74426	S	10228	1134	11362	0.00832
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	652716	S	6782	4045	10827	0.00793
<i>Alistipes finegoldii</i>	214856	S	4331	6140	10471	0.00767
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	1161942	S	8311	1607	9918	0.00726
<i>Gilliamella apicola</i>	1196095	S	7799	1393	9192	0.00673
<i>Clostridium baratii</i>	1561	S	3385	5095	8480	0.00621
<i>Ruminococcaceae bacterium CPB6</i>	1572656	S	4147	4309	8456	0.00619
[<i>Eubacterium</i>] <i>sulci</i>	143393	S	6849	497	7346	0.00538
<i>Lactobacillus plantarum</i>	1590	S	284	6085	6369	0.00466
<i>Burkholderiales bacterium YL45</i>	1834205	S	5682	208	5890	0.00431
<i>Bacteroides caccae</i>	47678	S	3854	1759	5613	0.00411
<i>Streptococcus thermophilus</i>	1308	S	1945	3516	5461	0.00400
<i>Chryseobacterium taklimakanense</i>	536441	S	1330	3621	4951	0.00363
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	818	S	3139	1709	4848	0.00355
<i>Selenomonas sp. oral taxon 126</i>	712528	S	34	4210	4244	0.00311
<i>Flavonifractor plautii</i>	292800	S	3524	531	4055	0.00297
<i>Dialister sp. Marseille-P5638</i>	2161821	S	3585	62	3647	0.00267
<i>Mesotoga prima</i>	1184387	S	3576	12	3588	0.00263
<i>Alistipes shahii</i>	328814	S	1433	2069	3502	0.00256
<i>Salmonella enterica</i>	28901	S	81	3255	3336	0.00244
<i>Dialister pneumosintes</i>	39950	S	3197	101	3298	0.00241

<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	1680	S	1627	1542	3169	0.00232
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	28118	S	2681	333	3014	0.00221
<i>Bacteroides helcogenes</i>	290053	S	2317	465	2782	0.00204
<i>Achromobacter xylooxidans</i>	85698	S	1138	1420	2558	0.00187
<i>Bacteroides fragilis</i>	817	S	1872	588	2460	0.00180
<i>Clostridium sp. SY8519</i>	1042156	S	2187	163	2350	0.00172
<i>Paludibacter propionigenes</i>	185300	S	2279	49	2328	0.00170
<i>Sutterella sp. 6FBBBH3</i>	2259134	S	2095	188	2283	0.00167
<i>Clostridium beijerinckii</i>	1520	S	22	2244	2266	0.00166
<i>Veillonella parvula</i>	29466	S	1943	117	2060	0.00151
<i>Lactobacillus reuteri</i>	1598	S	1459	520	1979	0.00145
<i>Ruminococcus bicirculans</i>	1160721	S	1382	534	1916	0.00140
<i>Herbivorax saccincola</i>	1677857	S	1521	379	1900	0.00139
<i>Ralstonia pickettii</i>	329	S	1103	716	1819	0.00133
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	1297617	S	1537	255	1792	0.00131
<i>Bacteroides caecimuris</i>	1796613	S	798	985	1783	0.00131
<i>Selenomonas sp. oral taxon 920</i>	1884263	S	12	1741	1753	0.00128
<i>Candidatus Sulcia muelleri</i>	336810	S	67	1679	1746	0.00128
<i>[Eubacterium] cellulosolvans</i>	29322	S	1660	58	1718	0.00126
<i>Oscillibacter valericigenes</i>	351091	S	1614	100	1714	0.00126
<i>[Clostridium] thermosuccinogenes</i>	84032	S	1516	163	1679	0.00123
<i>Snodgrassella alvi</i>	1196083	S	1303	352	1655	0.00121
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	573	S	86	1556	1642	0.00120
<i>Bacillus anthracis</i>	1392	S	24	1601	1625	0.00119
<i>Oscillibacter sp. PEA192</i>	2109687	S	1033	502	1535	0.00112
<i>Enterobacter cloacae</i>	550	S	503	1012	1515	0.00111
<i>Staphylococcus aureus</i>	1280	S	127	1348	1475	0.00108
<i>Lactobacillus kullabergensis</i>	1218493	S	1083	383	1466	0.00107
<i>Barnesiella viscericola</i>	397865	S	1173	276	1449	0.00106
<i>Lactococcus garvieae</i>	1363	S	1245	180	1425	0.00104
<i>Aeromonas caviae</i>	648	S	103	1316	1419	0.00104
<i>Lactobacillus murinus</i>	1622	S	1212	190	1402	0.00103
<i>Cupriavidus metallidurans</i>	119219	S	756	620	1376	0.00101
<i>Faecalitalea cylindroides</i>	39483	S	1012	343	1355	0.00099
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	1681	S	798	526	1324	0.00097
<i>Clostridium botulinum</i>	1491	S	95	1218	1313	0.00096
<i>Enterococcus faecalis</i>	1351	S	77	1229	1306	0.00096
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	831	S	1148	156	1304	0.00095
<i>Turicibacter sp. H121</i>	1712675	S	1084	169	1253	0.00092
<i>Sphingomonas sp. LK11</i>	1390395	S	268	980	1248	0.00091
<i>Clostridioides difficile</i>	1496	S	862	343	1205	0.00088
<i>Prevotella denticola</i>	28129	S	721	465	1186	0.00087
<i>Candidatus Azobacteroides</i>	511435	S	1165	10	1175	0.00086
<i>Pseudotrichonymphae</i>						
<i>Selenomonas sputigena</i>	69823	S	89	1053	1142	0.00084
<i>Faecalibaculum rodentium</i>	1702221	S	1026	125	1151	0.00084
<i>Monoglobus pectinilyticus</i>	1981510	S	961	161	1122	0.00082

<i>Pseudopedobacter saltans</i>	151895	S	161	936	1097	0.00080
<i>Haematospirillum jordaniae</i>	1549855	S	465	631	1096	0.00080
<i>Clostridium bornimense</i>	1216932	S	621	460	1081	0.00079
<i>Massilia armeniaca</i>	2072590	S	607	475	1082	0.00079
<i>Herbinix luporum</i>	1679721	S	748	280	1028	0.00075
<i>Massilia violaceinigra</i>	2045208	S	788	233	1021	0.00075
<i>Fusobacterium mortiferum</i>	850	S	896	98	994	0.00073
<i>Pseudomonas sp. Z003-0.4C (8344-21)</i>	1855380	S	42	936	978	0.00072
<i>Helicobacter typhlonius</i>	76936	S	862	109	971	0.00071
<i>Lachnospiraceae bacterium oral taxon 500</i>	712991	S	831	127	958	0.00070
<i>Clostridium taeniosporum</i>	394958	S	199	739	938	0.00069
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	729	S	756	188	944	0.00069
<i>Akkermansia muciniphila</i>	239935	S	850	79	929	0.00068
<i>Anaerotignum propionicum</i>	28446	S	855	28	883	0.00065
<i>Cellulosilyticum lentocellum</i>	29360	S	836	52	888	0.00065
<i>Croceibacter atlanticus</i>	313588	S	463	404	867	0.00063
<i>Massilia sp. WG5</i>	1707785	S	529	336	865	0.00063
<i>Prevotella ruminicola</i>	839	S	775	14	789	0.00058
<i>Lachnoanaerobaculum umeaense</i>	617123	S	686	86	772	0.00057
<i>Bifidobacterium animalis</i>	28025	S	75	705	780	0.00057
<i>Candidatus Saccharibacteria oral taxon TM7x</i>	1476577	S	725	41	766	0.00056
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	1584	S	635	108	743	0.00054
<i>Clostridiales bacterium CCNA10</i>	2109688	S	482	239	721	0.00053
<i>Lactobacillus amylovorus</i>	1604	S	369	353	722	0.00053
<i>[Polyangium] brachysporum</i>	413882	S	28	694	722	0.00053
<i>Desulfovibrio piger</i>	901	S	203	502	705	0.00052
<i>Aminobacterium colombiense</i>	81468	S	117	598	715	0.00052
<i>Lactobacillus sp. wkB8</i>	1545702	S	126	560	686	0.00050
<i>Anoxybacillus gonensis</i>	198467	S	127	524	651	0.00048
<i>Candidatus Atelocyanobacterium Thalassa</i>	713887	S	58	586	644	0.00047
<i>Candidatus Desulfovibrio trichonymphae</i>	1725232	S	305	314	619	0.00045
<i>Deinococcus gobiensis</i>	502394	S	584	14	598	0.00044
<i>Fastidiosipila sanguinis</i>	236753	S	499	94	593	0.00043
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	253239	S	344	249	593	0.00043
<i>Weissella paramesenteroides</i>	1249	S	18	562	580	0.00042
<i>Bosea sp. AS-1</i>	2015316	S	117	462	579	0.00042
<i>Gealkalibacter subterraneus</i>	483547	S	110	461	571	0.00042
<i>Lactobacillus salivarius</i>	1624	S	418	89	507	0.00037
<i>Pseudomonas sp. MT-1</i>	150396	S	17	493	510	0.00037
<i>Flavisolibacter tropicus</i>	1492898	S	23	465	488	0.00036
<i>Desulfuromonas soudanensis</i>	1603606	S	243	240	483	0.00035
<i>Peptoclostridium acidaminophilum</i>	1731	S	435	28	463	0.00034
<i>Gemella morbillorum</i>	29391	S	426	37	463	0.00034
<i>Desulfomicrobium baculatum</i>	899	S	404	49	453	0.00033
<i>Bacillus cereus</i>	1396	S	59	381	440	0.00032
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	169292	S	322	109	431	0.00032

<i>Massilia sp. NR 4-1</i>	1678028	S	303	131	434	0.00032
<i>Megasphaera elsdenii</i>	907	S	379	49	428	0.00031
<i>Clostridium butyricum</i>	1492	S	151	252	403	0.00030
<i>Fronidhabitans sp. 762G35</i>	1446794	S	136	270	406	0.00030
<i>Asticcacaulis excentricus</i>	78587	S	35	369	404	0.00030
<i>Ruminococcus albus</i>	1264	S	363	38	401	0.00029
<i>Bacteroidales bacterium CF</i>	1400053	S	279	115	394	0.00029
<i>Niveispirillum cyanobacteriorum</i>	1612173	S	76	301	377	0.00028
<i>Mageeibacillus indolicus</i>	884684	S	311	59	370	0.00027
<i>Bacillus thermoamylovorans</i>	35841	S	290	72	362	0.00027
<i>Cutibacterium acnes</i>	1747	S	266	83	349	0.00026
<i>Clostridium perfringens</i>	1502	S	179	166	345	0.00025
<i>Lactobacillus paracasei</i>	1597	S	18	322	340	0.00025
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	446660	S	280	68	348	0.00025
<i>Gluconobacter oxydans</i>	442	S	129	207	336	0.00025
<i>Mycoplasma penetrans</i>	28227	S	92	221	313	0.00023
<i>Sphingomonas hengshuiensis</i>	1609977	S	106	208	314	0.00023
<i>Lactobacillus mucosae</i>	97478	S	223	73	296	0.00022
<i>Jeotgalibaca sp. PTS2502</i>	1903686	S	238	69	307	0.00022
<i>Prevotella dentalis</i>	52227	S	215	81	296	0.00022
<i>Bacillus velezensis</i>	492670	S	35	255	290	0.00021
<i>Erysipelothrix larvae</i>	1514105	S	267	26	293	0.00021
<i>Anaerolinea thermophila</i>	167964	S	268	14	282	0.00021
<i>Thauera humireducens</i>	1134435	S	141	147	288	0.00021
<i>Gardnerella vaginalis</i>	2702	S	258	10	268	0.00020
<i>Rubrobacter xylanophilus</i>	49319	S	266	11	277	0.00020
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	44742	S	103	169	272	0.00020
<i>Marinilactibacillus sp. 15R</i>	1911586	S	218	38	256	0.00019
<i>Candidatus Amoebophilus asiaticus</i>	281120	S	219	38	257	0.00019
<i>Acetoanaerobium sticklandii</i>	1511	S	234	13	247	0.00018
<i>Christensenella massiliensis</i>	1805714	S	210	40	250	0.00018
<i>Streptococcus suis</i>	1307	S	198	50	248	0.00018
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	84110	S	237	3	240	0.00018
<i>Hymenobacter sp. PAMC 26554</i>	1484116	S	173	78	251	0.00018
<i>Serratia rubidaea</i>	61652	S	20	232	252	0.00018
<i>Syntrophomonas wolfei</i>	863	S	223	4	227	0.00017
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	40324	S	13	220	233	0.00017
<i>Hydrogenophaga sp. PBC</i>	795665	S	20	206	226	0.00017
<i>Aneurinibacillus soli</i>	1500254	S	193	24	217	0.00016
<i>Yersinia frederiksenii</i>	29484	S	26	198	224	0.00016
<i>Azoarcus sp. SY39</i>	2067960	S	140	80	220	0.00016
<i>Proteiniphilum saccharofermentans</i>	1642647	S	190	14	204	0.00015
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	40214	S	17	189	206	0.00015
<i>Dehalobacterium formicoaceticum</i>	51515	S	178	15	193	0.00014
<i>Selenomonas ruminantium</i>	971	S	27	168	195	0.00014
<i>Eggerthella lenta</i>	84112	S	159	35	194	0.00014
<i>Petrimonas mucosa</i>	1642646	S	165	20	185	0.00014
<i>Paracoccus sp. CBA4604</i>	2065379	S	61	126	187	0.00014

<i>Rickettsia endosymbiont of Bemisia tabaci</i>	337479	S	158	33	191	0.00014
<i>Lachnospirillum phytofermentans</i>	66219	S	157	23	180	0.00013
<i>Bacillus coagulans</i>	1398	S	164	17	181	0.00013
<i>Immunisolibacter cernigliae</i>	1810504	S	162	16	178	0.00013
<i>Salipiger profundus</i>	1229727	S	24	160	184	0.00013
<i>Novibacillus thermophilus</i>	1471761	S	155	11	166	0.00012
<i>Prevotella enoeca</i>	76123	S	84	77	161	0.00012
<i>Alkalitalea saponilacus</i>	889453	S	146	12	158	0.00012
<i>Rhizobium sp. NT-26</i>	1125847	S	35	133	168	0.00012
<i>Lactobacillus bombi</i>	1303590	S	140	6	146	0.00011
<i>[Clostridium] cellulosi</i>	29343	S	105	33	138	0.00010
<i>Lactococcus lactis</i>	1358	S	131	8	139	0.00010
<i>Bacillus thuringiensis</i>	1428	S	44	89	133	0.00010
<i>Frondehabitans sp. PAMC 28766</i>	1795630	S	63	80	143	0.00010
<i>Actinomyces pacaensis</i>	1852377	S	60	76	136	0.00010
<i>Escherichia albertii</i>	208962	S	61	72	133	0.00010
<i>Parasaccharibacter apium</i>	1510841	S	91	49	140	0.00010
<i>Sphingomonas koreensis</i>	93064	S	12	121	133	0.00010
<i>Paracoccus aminovorans</i>	34004	S	27	110	137	0.00010
<i>Verrucomicrobium sp. GAS474</i>	1882831	S	128	4	132	0.00010
<i>Candidatus Solibacter usitatus</i>	332163	S	131	0	131	0.00010
<i>Thermanaeromonas toyohensis</i>	161154	S	111	17	128	0.00009
<i>Sphingobacterium sp. ML3W</i>	1538644	S	18	99	117	0.00009
<i>Halomonas sp. 1513</i>	1883416	S	57	64	121	0.00009
<i>Defluviimonas alba</i>	1335048	S	19	108	127	0.00009
<i>Ramlibacter tataouinensis</i>	94132	S	21	108	129	0.00009
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	2173	S	44	74	118	0.00009
<i>[Clostridium] clariflavum</i>	288965	S	83	21	104	0.00008
<i>Rothia dentocariosa</i>	2047	S	76	28	104	0.00008
<i>Corynebacterium sphenisci</i>	191493	S	71	37	108	0.00008
<i>Olsenella sp. Marseille-P2300</i>	1805478	S	14	92	106	0.00008
<i>Bacteroides coprosuis</i>	151276	S	103	2	105	0.00008
<i>Bacteroides zooglyphiformans</i>	28119	S	35	76	111	0.00008
<i>Ichthyobacterium seriolicida</i>	242600	S	38	69	107	0.00008
<i>Citrobacter freundii</i>	546	S	13	92	105	0.00008
<i>Devoasia sp. A16</i>	1736675	S	13	98	111	0.00008
<i>Candidatus Saccharibacteria bacterium YM_S32_TM7_50_20</i>	2056494	S	110	0	110	0.00008
<i>Clostridium aceticum</i>	84022	S	33	57	90	0.00007
<i>Lactobacillus acetotolerans</i>	1600	S	53	44	97	0.00007
<i>Lactobacillus fermentum</i>	1613	S	44	48	92	0.00007
<i>Bifidobacterium actinocoloniiforme</i>	638619	S	92	4	96	0.00007
<i>Sinomonas atrocyanea</i>	37927	S	31	64	95	0.00007
<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	28264	S	61	31	92	0.00007
<i>Scytonema sp. HK-05</i>	1137095	S	15	78	93	0.00007
<i>Fermentimonas caenicola</i>	1562970	S	94	7	101	0.00007
<i>Draconibacterium orientale</i>	1168034	S	78	18	96	0.00007
<i>Capnocytophaga sp. ChDC OS43</i>	209053	S	40	58	98	0.00007

<i>Sphingobacterium</i> sp. 21	743722	S	29	70	99	0.00007
<i>Pantoea</i> sp. PSNIH2	1484157	S	10	83	93	0.00007
<i>Acinetobacter</i> lwoffii	28090	S	59	30	89	0.00007
<i>Lysobacter maris</i>	1605891	S	56	39	95	0.00007
<i>Rhodoplanes</i> sp. Z2-YC6860	674703	S	27	69	96	0.00007
<i>Chelativorans</i> sp. BNC1	266779	S	32	70	102	0.00007
<i>Janthinobacterium svalbardensis</i>	368607	S	58	34	92	0.00007
<i>Methyloversatilis</i> sp. RAC08	1842540	S	53	41	94	0.00007
<i>Filifactor aloicis</i>	143361	S	65	16	81	0.00006
<i>Thermoanaerobacterium</i> sp. RBITD	1550240	S	12	72	84	0.00006
endosymbiont 'TC1' of <i>Trimyema compressum</i>	243899	S	81	1	82	0.00006
<i>Rothia mucilaginosa</i>	43675	S	50	35	85	0.00006
<i>Prevotella melaninogenica</i>	28132	S	31	50	81	0.00006
<i>Arcticibacterium luteifluviistationis</i>	1784714	S	14	71	85	0.00006
<i>Gemmatimonas aurantiaca</i>	173480	S	69	16	85	0.00006
<i>Frischella perrara</i>	1267021	S	62	17	79	0.00006
<i>Luteimonas</i> sp. JM171	1896164	S	57	19	76	0.00006
<i>Parvibaculum lavamentivorans</i>	256618	S	11	69	80	0.00006
<i>Methylocella silvestris</i>	199596	S	26	58	84	0.00006
<i>Thalassococcus</i> sp. SH-1	2109625	S	28	50	78	0.00006
<i>Elusimicrobium minutum</i>	423605	S	70	16	86	0.00006
<i>Butyrivibrio proteoclasticus</i>	43305	S	52	10	62	0.00005
<i>Desulfotomaculum acetoxidans</i>	58138	S	63	1	64	0.00005
<i>Lactobacillus brevis</i>	1580	S	27	36	63	0.00005
<i>Bifidobacterium thermophilum</i>	33905	S	64	8	72	0.00005
<i>Micrococcus luteus</i>	1270	S	16	48	64	0.00005
<i>Tessaracoccus</i> sp. Marseille-P5995	2161816	S	56	14	70	0.00005
<i>Olsenella uli</i>	133926	S	10	53	63	0.00005
<i>Idiomarina</i> sp. OT37-5b	2100422	S	31	31	62	0.00005
<i>Aureimonas</i> sp. AU20	1349819	S	16	50	66	0.00005
<i>Sphingomonas indica</i>	941907	S	20	47	67	0.00005
<i>Candidatus Accumulibacter phosphatis</i>	327160	S	63	4	67	0.00005
<i>Luteitalea pratensis</i>	1855912	S	67	2	69	0.00005
<i>Denitrovibrio acetiphilus</i>	118000	S	66	2	68	0.00005
<i>Clostridium isatidis</i>	182773	S	26	31	57	0.00004
<i>Desulfotomaculum ferrireducens</i>	1833852	S	45	13	58	0.00004
<i>Mahella australiensis</i>	252966	S	31	27	58	0.00004
<i>Lactobacillus jensenii</i>	109790	S	39	9	48	0.00004
<i>Streptococcus pyogenes</i>	1314	S	22	37	59	0.00004
<i>Oenococcus kitaharae</i>	336988	S	22	30	52	0.00004
<i>Salimicrobium jeotgali</i>	1230341	S	46	5	51	0.00004
<i>Paenibacillus stellifer</i>	169760	S	26	29	55	0.00004
<i>Lawsonella clevelandensis</i>	1528099	S	43	6	49	0.00004
<i>Actinobacteria bacterium</i> IMCC26256	1650658	S	49	0	49	0.00004
<i>Kineococcus radiotolerans</i>	131568	S	46	12	58	0.00004
<i>Libanicoccus massiliensis</i>	1871022	S	50	3	53	0.00004
<i>Acholeplasma laidlawii</i>	2148	S	39	22	61	0.00004

<i>Acholeplasma brassicae</i>	61635	S	30	18	48	0.00004
<i>Bacteroides heparinolyticus</i>	28113	S	18	37	55	0.00004
<i>Prevotella intermedia</i>	28131	S	12	40	52	0.00004
<i>Mucilaginibacter sp. PAMC 26640</i>	1300914	S	11	37	48	0.00004
<i>Fibrobacter succinogenes</i>	833	S	59	0	59	0.00004
<i>Candidatus Sodalis pierantonius</i>	1486991	S	41	7	48	0.00004
<i>Pseudomonas saudiphocaensis</i>	1499686	S	27	29	56	0.00004
<i>Pseudomonas mendocina</i>	300	S	15	46	61	0.00004
<i>Moraxella catarrhalis</i>	480	S	48	4	52	0.00004
<i>Magnetospira sp. QH-2</i>	1288970	S	35	22	57	0.00004
<i>Nitratireductor sp. OM-1</i>	1756988	S	14	45	59	0.00004
<i>Sphingopyxis sp. LPB0140</i>	1913578	S	36	16	52	0.00004
<i>Castellaniella defragrans</i>	75697	S	42	19	61	0.00004
<i>Comamonas kerstersii</i>	225992	S	12	41	53	0.00004
<i>Sulfuricurvum kujiense</i>	148813	S	47	1	48	0.00004
<i>Acetomicrobium mobile</i>	97477	S	13	39	52	0.00004
<i>Treponema brennaborensis</i>	81028	S	25	23	48	0.00004
<i>Butyrivibrio hungatei</i>	185008	S	31	6	37	0.00003
<i>Eubacterium limosum</i>	1736	S	42	0	42	0.00003
<i>Lactobacillus ruminis</i>	1623	S	33	3	36	0.00003
<i>Streptococcus mutans</i>	1309	S	42	3	45	0.00003
<i>Staphylococcus schleiferi</i>	1295	S	40	4	44	0.00003
<i>Staphylococcus pettenkoferi</i>	170573	S	34	4	38	0.00003
<i>Parvimonas micra</i>	33033	S	26	12	38	0.00003
<i>Agromyces flavus</i>	589382	S	10	25	35	0.00003
<i>Cellulomonas gilvus</i>	11	S	12	28	40	0.00003
<i>Kytococcus sedentarius</i>	1276	S	22	25	47	0.00003
<i>Pimelobacter simplex</i>	2045	S	15	22	37	0.00003
<i>Acidothermus cellulolyticus</i>	28049	S	39	1	40	0.00003
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	837	S	36	7	43	0.00003
<i>secondary endosymbiont of Ctenarytaina eucalypti</i>	1199245	S	32	5	37	0.00003
<i>Candidatus Tachikawaea gelatinosa</i>	1410383	S	23	14	37	0.00003
<i>Yersinia enterocolitica</i>	630	S	36	4	40	0.00003
<i>Erwinia pyrifoliae</i>	79967	S	35	9	44	0.00003
<i>Pseudomonas litoralis</i>	797277	S	33	13	46	0.00003
<i>Pseudoxanthomonas suwonensis</i>	314722	S	24	21	45	0.00003
<i>Pseudoxanthomonas spadix</i>	415229	S	20	17	37	0.00003
<i>Halomonas hydrothermalis</i>	115561	S	18	22	40	0.00003
<i>Hahella chejuensis</i>	158327	S	37	0	37	0.00003
<i>Pelagibacterium halotolerans</i>	531813	S	16	31	47	0.00003
<i>Oligella urethralis</i>	90245	S	37	1	38	0.00003
<i>Candidatus Symbiobacter mobilis</i>	1436290	S	27	9	36	0.00003
<i>Desulfovibrio hydrothermalis</i>	191026	S	15	20	35	0.00003
<i>Sorangium cellulosum</i>	56	S	10	30	40	0.00003
<i>Syntrophobacter fumaroxidans</i>	119484	S	16	22	38	0.00003
<i>Candidatus Koribacter versatilis</i>	658062	S	27	12	39	0.00003
<i>Alkaliphilus metalliredigens</i>	208226	S	23	9	32	0.00002

<i>[Eubacterium] minutum</i>	76124	S	28	0	28	0.00002
<i>Desulfotomaculum gibsoniae</i>	102134	S	29	0	29	0.00002
<i>Halothermothrix orenii</i>	31909	S	29	0	29	0.00002
<i>Lactobacillus kunkeei</i>	148814	S	22	1	23	0.00002
<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	1625	S	15	11	26	0.00002
<i>Streptococcus iniae</i>	1346	S	17	7	24	0.00002
<i>Jeotgalibaca dankookensis</i>	708126	S	24	2	26	0.00002
<i>Bacillus sp. OxB-1</i>	98228	S	23	2	25	0.00002
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1282	S	29	4	33	0.00002
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	28035	S	18	10	28	0.00002
<i>Exiguobacterium sp. AT1b</i>	360911	S	24	1	25	0.00002
<i>Brochothrix thermosphacta</i>	2756	S	28	3	31	0.00002
<i>Murdochiella vaginalis</i>	1852373	S	14	10	24	0.00002
<i>Bifidobacterium pseudolongum</i>	1694	S	17	14	31	0.00002
<i>Bifidobacterium angulatum</i>	1683	S	14	7	21	0.00002
<i>Corynebacterium cystitidis</i>	35757	S	30	1	31	0.00002
<i>Corynebacterium marinum</i>	349751	S	20	7	27	0.00002
<i>Mycolicobacterium thermoresistibile</i>	1797	S	21	13	34	0.00002
<i>Nocardioides sp. JS614</i>	196162	S	16	17	33	0.00002
<i>Nocardioides sp. 78</i>	2045452	S	12	14	26	0.00002
<i>Thermobispora bispora</i>	2006	S	20	4	24	0.00002
<i>Coriobacteriaceae bacterium 68-1-3</i>	1531429	S	20	5	25	0.00002
<i>Gordonibacter pamelaee</i>	471189	S	22	12	34	0.00002
<i>Conexibacter woesei</i>	191495	S	22	1	23	0.00002
<i>Candidatus Izimaplasma sp. HR1</i>	1541959	S	33	0	33	0.00002
<i>Truepera radiovictrix</i>	332249	S	27	0	27	0.00002
<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	28123	S	29	1	30	0.00002
<i>Capnocytophaga leadbetteri</i>	327575	S	15	18	33	0.00002
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	1017	S	14	9	23	0.00002
<i>Gemmatimonas phototrophica</i>	1379270	S	23	6	29	0.00002
<i>Candidatus Ishikawaella capsulata</i>	168169	S	22	0	22	0.00002
<i>Yersinia entomophaga</i>	935293	S	17	11	28	0.00002
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	287	S	10	23	33	0.00002
<i>Acinetobacter schindleri</i>	108981	S	15	11	26	0.00002
<i>Aeromonas schubertii</i>	652	S	18	4	22	0.00002
<i>Aeromonas veronii</i>	654	S	14	11	25	0.00002
<i>Halomonas subglaciescola</i>	29571	S	18	7	25	0.00002
<i>Alcanivorax pacificus</i>	1306787	S	14	10	24	0.00002
<i>Ectothiorhodospira sp. BSL-9</i>	1442136	S	22	0	22	0.00002
<i>Hydrogenovibrio crunogenus</i>	39765	S	28	0	28	0.00002
<i>Steroidobacter denitrificans</i>	465721	S	24	2	26	0.00002
<i>Hyphomicrobium nitratorans</i>	1427356	S	13	21	34	0.00002
<i>Anderseiniella sp. Alg231-50</i>	1922226	S	19	12	31	0.00002
<i>Sphingomonas sp. KC8</i>	1030157	S	10	20	30	0.00002
<i>Candidatus Puniceispirillum marinum</i>	767892	S	16	8	24	0.00002
<i>Cupriavidus pinatubonensis</i>	248026	S	22	11	33	0.00002
<i>Desulfobulbus sp. ORNL</i>	1986146	S	11	10	21	0.00002
<i>Sandaracinus amylolyticus</i>	927083	S	24	9	33	0.00002

<i>Arcobacter trophiarum</i>	708186	S	11	14	25	0.00002
<i>Nautilia profundicola</i>	244787	S	21	0	21	0.00002
<i>Verrucomicrobia bacterium IMCC26134</i>	1637999	S	27	4	31	0.00002
<i>Thermogutta terrifontis</i>	1331910	S	23	1	24	0.00002
<i>Fusobacterium ulcerans</i>	861	S	17	13	30	0.00002
<i>Granulicella tundricola</i>	940615	S	10	20	30	0.00002
<i>Acidobacterium capsulatum</i>	33075	S	10	15	25	0.00002
<i>Chloracidobacterium thermophilum</i>	458033	S	25	0	25	0.00002
<i>Sphaerochaeta globosa</i>	1131703	S	26	1	27	0.00002
<i>Methanosphaera stadtmanae</i>	2317	S	11	12	23	0.00002
<i>Peptostreptococcaceae bacterium oral taxon 929</i>	2081703	S	11	1	12	0.00001
<i>Clostridium acetobutylicum</i>	1488	S	14	3	17	0.00001
<i>Clostridium sp. BNL1100</i>	755731	S	10	1	11	0.00001
<i>Syntrophothermus lipocalidus</i>	86170	S	17	0	17	0.00001
<i>Streptococcus parauberis</i>	1348	S	12	5	17	0.00001
<i>Bacillus sp. FJAT-45348</i>	2011012	S	19	1	20	0.00001
<i>Bacillus cellulosilyticus</i>	1413	S	14	1	15	0.00001
<i>Bacillus weihaiensis</i>	1547283	S	10	1	11	0.00001
<i>Paraliobacillus sp. X-1125</i>	2213194	S	17	1	18	0.00001
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	1283	S	10	5	15	0.00001
<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>	1648	S	12	3	15	0.00001
<i>Gottschalkia acidurici</i>	1556	S	11	0	11	0.00001
<i>Ezakiella massiliensis</i>	1852374	S	16	3	19	0.00001
<i>Limnochorda pilosa</i>	1555112	S	13	0	13	0.00001
<i>Atopobium parvulum</i>	1382	S	16	0	16	0.00001
<i>Eggerthella sp. YY7918</i>	502558	S	10	2	12	0.00001
<i>Phoenicibacter massiliensis</i>	1944646	S	14	1	15	0.00001
<i>Plautia stali symbiont</i>	891974	S	14	3	17	0.00001
<i>Candidatus Pantoea carbekii</i>	1235990	S	16	0	16	0.00001
<i>Moraxella osloensis</i>	34062	S	14	2	16	0.00001
<i>Alkalilimnicola ehrlichii</i>	351052	S	19	0	19	0.00001
<i>Thioalkalivibrio paradoxus</i>	108010	S	16	0	16	0.00001
<i>Teredinibacter turnerae</i>	2426	S	17	0	17	0.00001
<i>Methylococcus capsulatus</i>	414	S	14	1	15	0.00001
<i>Candidatus Paracaedibacter acanthamoebae</i>	91604	S	11	0	11	0.00001
<i>Ralstonia insidiosa</i>	190721	S	11	3	14	0.00001
<i>Paenalcaligenes hominis</i>	643674	S	19	1	20	0.00001
<i>Bordetella sp. HZ20</i>	2163011	S	13	1	14	0.00001
<i>Neisseriaceae bacterium DSM 100970</i>	2052837	S	12	0	12	0.00001
<i>Desulfotalea psychrophila</i>	84980	S	14	4	18	0.00001
<i>Haliangium ochraceum</i>	80816	S	13	4	17	0.00001
<i>Helicobacter sp. MIT 01-6242</i>	222136	S	13	0	13	0.00001
<i>Victivallales bacterium CCUG 44730</i>	2094242	S	19	0	19	0.00001
<i>Kiritimatiella glycovorans</i>	1307763	S	13	0	13	0.00001
<i>Fusobacterium varium</i>	856	S	10	7	17	0.00001
<i>Thermodesulfatator indicus</i>	171695	S	20	0	20	0.00001

<i>Nitrospira japonica</i>	1325564	S	12	6	18	0.00001
<i>Methanosarcina mazei</i>	2209	S	13	3	16	0.00001
<i>Finegoldia magna</i>	1260	S	249	-249	0	0.00000
<i>Bifidobacterium asteroides</i>	1684	S	102	-102	0	0.00000
<i>Bifidobacterium dentium</i>	1689	S	67	-67	0	0.00000
<i>Tropheryma whipplei</i>	2039	S	10	-10	0	0.00000
<i>Mycoplasma fermentans</i>	2115	S	26350	-26350	0	0.00000
<i>Moorea producens</i>	1155739	S	36	-36	0	0.00000
<i>Rhodospirillum rubrum</i>	1085	S	81	-81	0	0.00000
<i>Comamonas testosteroni</i>	285	S	58	-58	0	0.00000
<i>Variovorax paradoxus</i>	34073	S	33	-33	0	0.00000
<i>Lawsonia intracellularis</i>	29546	S	18	-18	0	0.00000

ANEXO 5. Tabla de estimación taxonómica de las heces fecales con cáncer de pulmón

HECES FECALES CON CANCER

name	Taxonomy_id	Taxonomy_lvl	Kraken_assigned_reads	Added_reads	New_est_reads	Fraction_total_reads
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	853	S	200660	113885	314545	0.22525
<i>Ruminococcus champanellensis</i>	1161942	S	23521	13003	36524	0.02616
<i>Ruminococcus bicirculans</i>	1160721	S	4142	3084	7226	0.00517
<i>Ruminococcus albus</i>	1264	S	29	3	32	0.00002
<i>Ruminococcaceae bacterium CPB6</i>	1572656	S	9644	1087	10731	0.00768
<i>Herbivorax saccincola</i>	1677857	S	2925	1756	4681	0.00335
<i>[Clostridium] thermosuccinogenes</i>	84032	S	1636	473	2109	0.00151
<i>[Clostridium] cellulosi</i>	29343	S	315	94	409	0.00029
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	253239	S	1213	67	1280	0.00092
<i>Fastidiosipila sanguinis</i>	236753	S	269	123	392	0.00028
<i>Mageeibacillus indolicus</i>	884684	S	10	4	14	0.00001
<i>Lachnospiraceae bacterium Choco86</i>	2109690	S	54013	33308	87321	0.06253
<i>[Eubacterium] rectale</i>	39491	S	45029	18772	63801	0.04569
<i>Lachnospiraceae bacterium oral taxon 500</i>	712991	S	2995	888	3883	0.00278
<i>Lachnospiraceae bacterium GAM79</i>	2109691	S	1454	1626	3080	0.00221
<i>Lachnoclostridium phocaeense</i>	1871021	S	21788	16386	38174	0.02734
<i>Lachnoclostridium phytofermentans</i>	66219	S	912	91	1003	0.00072
<i>Lachnoclostridium sp. YL32</i>	1834196	S	31	137	168	0.00012
<i>[Clostridium] bolteae</i>	208479	S	29	148	177	0.00013
<i>Blautia sp. N6H1-15</i>	1912897	S	101	21448	21549	0.01543
<i>Anaerostipes hadrus</i>	649756	S	11732	7812	19544	0.01400
<i>Roseburia hominis</i>	301301	S	5418	7461	12879	0.00922
<i>Anaerotignum propionicum</i>	28446	S	1270	54	1324	0.00095
<i>Cellulosilyticum lentocellum</i>	29360	S	697	46	743	0.00053
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i>	831	S	188	105	293	0.00021
<i>Lachnoanaerobaculum umeaense</i>	617123	S	179	27	206	0.00015
<i>Herbinix luporum</i>	1679721	S	75	57	132	0.00009
<i>Monoglobus pectinilyticus</i>	1981510	S	85665	30410	116075	0.08312
<i>Flavonifractor plautii</i>	292800	S	4029	695	4724	0.00338
<i>Clostridiales bacterium CCNA10</i>	2109688	S	744	603	1347	0.00096
<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	1297617	S	217	63	280	0.00020

<i>[Eubacterium] hallii</i>	39488	S	17090	8179	25269	0.01810
<i>[Eubacterium] eligens</i>	39485	S	3938	895	4833	0.00346
<i>Eubacterium limosum</i>	1736	S	1413	1219	2632	0.00188
<i>[Eubacterium] cellulosoventis</i>	29322	S	643	35	678	0.00049
<i>Clostridium sp. SY8519</i>	1042156	S	2533	430	2963	0.00212
<i>Clostridium perfringens</i>	1502	S	515	402	917	0.00066
<i>Clostridium baratii</i>	1561	S	264	249	513	0.00037
<i>Clostridium bornimense</i>	1216932	S	87	73	160	0.00011
<i>Clostridium beijerinckii</i>	1520	S	77	6876	6953	0.00498
<i>Clostridium taeniosporum</i>	394958	S	72	105	177	0.00013
<i>Clostridium botulinum</i>	1491	S	64	326	390	0.00028
<i>Clostridium butyricum</i>	1492	S	35	26	61	0.00004
<i>Clostridium novyi</i>	1542	S	28	40	68	0.00005
<i>Clostridium acetobutylicum</i>	1488	S	25	3	28	0.00002
<i>Clostridium isatidis</i>	182773	S	20	15	35	0.00003
<i>Mordavella sp. Marseille-P3756</i>	2086584	S	7504	5622	13126	0.00940
<i>Oscillibacter valericigenes</i>	351091	S	5964	408	6372	0.00456
<i>Oscillibacter sp. PEA192</i>	2109687	S	1327	953	2280	0.00163
<i>Paeniclostridium sordellii</i>	1505	S	2215	1596	3811	0.00273
<i>Clostridioides difficile</i>	1496	S	2144	1144	3288	0.00235
<i>Acetoanaerobium sticklandii</i>	1511	S	379	51	430	0.00031
<i>Filifactor alocis</i>	143361	S	28	17	45	0.00003
<i>Peptoclostridium acidaminophilum</i>	1731	S	17	2	19	0.00001
<i>Peptostreptococcaceae bacterium oral taxon 929</i>	2081703	S	11	3	14	0.00001
<i>[Eubacterium] sulci</i>	143393	S	1385	229	1614	0.00116
<i>[Eubacterium] minutum</i>	76124	S	44	2	46	0.00003
<i>Dehalobacterium formicoaceticum</i>	51515	S	272	43	315	0.00023
<i>Desulfotomaculum gibsoniae</i>	102134	S	30	1	31	0.00002
<i>Dehalobacter restrictus</i>	55583	S	16	0	16	0.00001
<i>Desulfosporosinus acidiphilus</i>	885581	S	16	0	16	0.00001
<i>Christensenella massiliensis</i>	1805714	S	351	128	479	0.00034
<i>Syntrophomonas wolfei</i>	863	S	12	0	12	0.00001
<i>Syntrophothermus lipocalidus</i>	86170	S	12	0	12	0.00001
<i>Halobacteroides halobius</i>	42422	S	3405	72	3477	0.00249
<i>Thermanaeromonas toyohensis</i>	161154	S	45	3	48	0.00003
<i>Caldanaerobacter subterraneus</i>	911092	S	28	67	95	0.00007
<i>Mahella australiensis</i>	252966	S	73	90	163	0.00012
<i>Streptococcus anginosus</i>	1328	S	919	2484	3403	0.00244
<i>Streptococcus constellatus</i>	76860	S	117	-117	0	0.00000
<i>Streptococcus intermedius</i>	1338	S	16	51	67	0.00005
<i>Streptococcus thermophilus</i>	1308	S	598	41863	42461	0.03041
<i>Streptococcus mutans</i>	1309	S	451	310	761	0.00054
<i>Streptococcus pyogenes</i>	1314	S	206	1930	2136	0.00153
<i>Streptococcus suis</i>	1307	S	121	173	294	0.00021
<i>Streptococcus agalactiae</i>	1311	S	99	6384	6483	0.00464
<i>Streptococcus infantarius</i>	102684	S	71	14405	14476	0.01037
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1313	S	60	52031	52091	0.03730

<i>Streptococcus respiraculi</i>	2021971	S	59	87	146	0.00010
<i>Streptococcus sobrinus</i>	1310	S	43	40	83	0.00006
<i>Streptococcus pantholopis</i>	1811193	S	38	16	54	0.00004
<i>Streptococcus iniae</i>	1346	S	31	70	101	0.00007
<i>Streptococcus marmotae</i>	1825069	S	18	43	61	0.00004
<i>Streptococcus salivarius</i>	1304	S	10	187	197	0.00014
<i>Streptococcus parauberis</i>	1348	S	10	57	67	0.00005
<i>Lactococcus lactis</i>	1358	S	289	208	497	0.00036
<i>Lactococcus piscium</i>	1364	S	16	10	26	0.00002
<i>Lactobacillus ruminis</i>	1623	S	7760	3219	10979	0.00786
<i>Lactobacillus salivarius</i>	1624	S	1782	1628	3410	0.00244
<i>Lactobacillus reuteri</i>	1598	S	1407	2258	3665	0.00262
<i>Lactobacillus mucosae</i>	97478	S	781	1359	2140	0.00153
<i>Lactobacillus fermentum</i>	1613	S	568	3060	3628	0.00260
<i>Lactobacillus murinus</i>	1622	S	248	201	449	0.00032
<i>Lactobacillus paracasei</i>	1597	S	24	1862	1886	0.00135
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	47715	S	31	76	107	0.00008
<i>Lactobacillus lindneri</i>	53444	S	26	111	137	0.00010
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	1584	S	25	489	514	0.00037
<i>Lactobacillus agilis</i>	1601	S	22	28	50	0.00004
<i>Lactobacillus amylovorus</i>	1604	S	21	129	150	0.00011
<i>Leuconostoc citreum</i>	33964	S	24	1100	1124	0.00080
<i>Leuconostoc carnosum</i>	1252	S	22	810	832	0.00060
<i>Leuconostoc gelidum</i>	1244	S	14	-14	0	0.00000
<i>Marinilactibacillus sp. 15R</i>	1911586	S	198	89	287	0.00021
<i>Jeotgalibaca sp. PTS2502</i>	1903686	S	104	75	179	0.00013
<i>Enterococcus faecalis</i>	1351	S	16	119	135	0.00010
<i>Enterococcus faecium</i>	1352	S	16	29	45	0.00003
<i>Novibacillus thermophilus</i>	1471761	S	15616	641	16257	0.01164
<i>Anoxybacillus gonensis</i>	198467	S	314	159	473	0.00034
<i>Bacillus thuringiensis</i>	1428	S	96	221	317	0.00023
<i>Bacillus cereus</i>	1396	S	56	71	127	0.00009
<i>Bacillus anthracis</i>	1392	S	13	863	876	0.00063
<i>Bacillus altitudinis</i>	293387	S	13	7	20	0.00001
<i>Staphylococcus aureus</i>	1280	S	331	3249	3580	0.00256
<i>Staphylococcus pettenkoferi</i>	170573	S	44	3	47	0.00003
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1282	S	26	60	86	0.00006
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	28035	S	21	1	22	0.00002
<i>Staphylococcus schleiferi</i>	1295	S	11	0	11	0.00001
<i>Gemella morbillorum</i>	29391	S	510	43	553	0.00040
<i>Paenibacillus stellifer</i>	169760	S	208	9	217	0.00016
<i>Listeria monocytogenes</i>	1639	S	20	7	27	0.00002
<i>Veillonella parvula</i>	29466	S	11296	1041	12337	0.00883
<i>Dialister pneumosintes</i>	39950	S	5006	284	5290	0.00379
<i>Dialister sp. Marseille-P5638</i>	2161821	S	789	25	814	0.00058
<i>Megasphaera hexanoica</i>	1675036	S	129	108	237	0.00017
<i>Megasphaera sp. AJH120</i>	2144175	S	97	46	143	0.00010
<i>Megasphaera elsdenii</i>	907	S	64	52	116	0.00008

<i>Acidaminococcus intestini</i>	187327	S	396	1136	1532	0.00110
<i>Acidaminococcus fermentans</i>	905	S	168	841	1009	0.00072
<i>Faecalitalea cylindroides</i>	39483	S	5262	4837	10099	0.00723
<i>Turicibacter sp. H121</i>	1712675	S	3853	1482	5335	0.00382
<i>Faecalibaculum rodentium</i>	1702221	S	1216	459	1675	0.00120
<i>Erysipelotrichaceae bacterium GAM147</i>	2109692	S	694	6418	7112	0.00509
<i>Erysipelothrix larvae</i>	1514105	S	128	26	154	0.00011
<i>Finegoldia magna</i>	1260	S	91	-91	0	0.00000
<i>Parvimonas micra</i>	33033	S	66	60	126	0.00009
<i>Ezakiella massiliensis</i>	1852374	S	13	25	38	0.00003
<i>endosymbiont 'TC1' of Trimyema compressum</i>	243899	S	12	0	12	0.00001
<i>Limnochorda pilosa</i>	1555112	S	10	0	10	0.00001
<i>Bifidobacterium longum</i>	216816	S	11449	25146	36595	0.02621
<i>Bifidobacterium dentium</i>	1689	S	4719	-4719	0	0.00000
<i>Bifidobacterium breve</i>	1685	S	3871	10876	14747	0.01056
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	1680	S	3328	2940	6268	0.00449
<i>Bifidobacterium pseudolongum</i>	1694	S	1263	1189	2452	0.00176
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	1681	S	602	403	1005	0.00072
<i>Bifidobacterium actinocoloniiforme</i>	638619	S	559	44	603	0.00043
<i>Bifidobacterium animalis</i>	28025	S	29	877	906	0.00065
<i>Gardnerella vaginalis</i>	2702	S	12	2	14	0.00001
<i>Rothia mucilaginosa</i>	43675	S	575	868	1443	0.00103
<i>Rothia dentocariosa</i>	2047	S	212	152	364	0.00026
<i>Jonesia denitrificans</i>	43674	S	39	11	50	0.00004
<i>Actinomyces pacaensis</i>	1852377	S	679	645	1324	0.00095
<i>Actinomyces meyeri</i>	52773	S	31	56	87	0.00006
<i>Actinomyces sp. oral taxon 414</i>	712122	S	30	170	200	0.00014
<i>Actinomyces hongkongensis</i>	178339	S	26	62	88	0.00006
<i>Actinomyces sp. oral taxon 897</i>	2081702	S	11	55	66	0.00005
<i>Actinobacteria bacterium IMCC26256</i>	1650658	S	182	1	183	0.00013
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	169292	S	29	65	94	0.00007
<i>Corynebacterium cystitidis</i>	35757	S	12	10	22	0.00002
<i>Micropruina glycogenica</i>	75385	S	16	4	20	0.00001
<i>Streptomyces sp. SAT1</i>	1849967	S	15	6	21	0.00002
<i>Thermobispora bispora</i>	2006	S	17	8	25	0.00002
<i>Candidatus Planktophila lacus</i>	1884913	S	12	2	14	0.00001
<i>Collinsella aerofaciens</i>	74426	S	19101	3172	22273	0.01595
<i>Coriobacterium glomerans</i>	33871	S	650	24	674	0.00048
<i>Libanicoccus massiliensis</i>	1871022	S	540	63	603	0.00043
<i>Atopobium parvulum</i>	1382	S	273	6	279	0.00020
<i>Olsenella sp. Marseille-P2300</i>	1805478	S	48	41	89	0.00006
<i>Olsenella uli</i>	133926	S	18	12	30	0.00002
<i>Eggerthella lenta</i>	84112	S	1266	328	1594	0.00114
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	446660	S	762	141	903	0.00065
<i>Gordonibacter pamelaee</i>	471189	S	482	143	625	0.00045
<i>Gordonibacter urolithinifaciens</i>	1335613	S	189	33	222	0.00016
<i>Cryptobacterium curtum</i>	84163	S	64	2	66	0.00005

<i>Phoenicibacter massiliensis</i>	1944646	S	23	4	27	0.00002
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	84110	S	16	0	16	0.00001
<i>Rubrobacter xylanophilus</i>	49319	S	14	9	23	0.00002
<i>Mycoplasma penetrans</i>	28227	S	1535	51	1586	0.00114
<i>Mycoplasma fermentans</i>	2115	S	449	-449	0	0.00000
<i>Acholeplasma brassicae</i>	61635	S	92	70	162	0.00012
<i>Candidatus Phytoplasma mali</i>	37692	S	17	22	39	0.00003
<i>Spiroplasma apis</i>	2137	S	14	7	21	0.00002
<i>Candidatus Izimapsoma sp. HR1</i>	1541959	S	394	7	401	0.00029
<i>Caldilinea aerophila</i>	133453	S	639	5	644	0.00046
<i>Anaerolinea thermophila</i>	167964	S	253	103	356	0.00025
<i>Deinococcus gobiensis</i>	502394	S	702	32	734	0.00053
<i>Deinococcus maricopensis</i>	309887	S	10	0	10	0.00001
<i>Meiothermus silvanus</i>	52022	S	27	0	27	0.00002
<i>Moorea producens</i>	1155739	S	13	-13	0	0.00000
<i>Bacteroides dorei</i>	357276	S	11779	18899	30678	0.02197
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	246787	S	10478	1743	12221	0.00875
<i>Bacteroides caccae</i>	47678	S	6082	1132	7214	0.00517
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	818	S	2516	548	3064	0.00219
<i>Bacteroides ovatus</i>	28116	S	1734	1426	3160	0.00226
<i>Bacteroides fragilis</i>	817	S	1715	234	1949	0.00140
<i>Bacteroides vulgatus</i>	821	S	1675	2473	4148	0.00297
<i>Bacteroides salanitronis</i>	376805	S	1596	340	1936	0.00139
<i>Bacteroides helcogenes</i>	290053	S	272	22	294	0.00021
<i>Bacteroides zooglyphiformans</i>	28119	S	15	13	28	0.00002
<i>Alistipes finegoldii</i>	214856	S	1928	3909	5837	0.00418
<i>Alistipes shahii</i>	328814	S	420	795	1215	0.00087
<i>Barnesiella viscericola</i>	397865	S	2428	889	3317	0.00238
<i>Parabacteroides sp. CT06</i>	2025876	S	1353	2614	3967	0.00284
<i>Prevotella dentalis</i>	52227	S	164	116	280	0.00020
<i>Prevotella denticola</i>	28129	S	158	200	358	0.00026
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	652716	S	106	132	238	0.00017
<i>Prevotella melaninogenica</i>	28132	S	51	173	224	0.00016
<i>Prevotella jejuni</i>	1177574	S	33	100	133	0.00010
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	28118	S	783	62	845	0.00061
<i>Bacteroidales bacterium CF</i>	1400053	S	527	85	612	0.00044
<i>Candidatus Azobacteroides pseudotrichonymphae</i>	511435	S	101	1	102	0.00007
<i>Paludibacter propionigenes</i>	185300	S	368	8	376	0.00027
<i>Muribaculum intestinale</i>	1796646	S	16	0	16	0.00001
<i>Alkalitalea saponilacus</i>	889453	S	31	1	32	0.00002
<i>Chryseobacterium taklimakanense</i>	536441	S	284	671	955	0.00068
<i>Muricauda ruestringensis</i>	111501	S	31	18	49	0.00004
<i>Ichthyobacterium seriolicida</i>	242600	S	10	24	34	0.00002
<i>Pseudopedobacter saltans</i>	151895	S	50	36	86	0.00006
<i>Melioribacter roseus</i>	1134405	S	300	1	301	0.00022
<i>Gemmatimonas aurantiaca</i>	173480	S	121	2	123	0.00009
<i>Fibrobacter succinogenes</i>	833	S	92	0	92	0.00007

<i>Escherichia coli</i>	562	S	548	19322	19870	0.01423
<i>Escherichia albertii</i>	208962	S	61	28	89	0.00006
<i>Enterobacter cloacae</i>	550	S	379	665	1044	0.00075
<i>Salmonella enterica</i>	28901	S	351	17018	17369	0.01244
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	573	S	193	30372	30565	0.02189
<i>secondary endosymbiont of Ctenarytaina eucalypti</i>	1199245	S	10	2	12	0.00001
<i>Candidatus Tachikawaea gelatinosa</i>	1410383	S	13	15	28	0.00002
<i>Morganella morganii</i>	582	S	175	32	207	0.00015
<i>Proteus mirabilis</i>	584	S	24	8	32	0.00002
<i>Yersinia pestis</i>	632	S	98	5535	5633	0.00403
<i>Candidatus Sodalis pierantonius</i>	1486991	S	57	8	65	0.00005
<i>Candidatus Pantoea carbekii</i>	1235990	S	14	2	16	0.00001
<i>Buchnera aphidicola</i>	9	S	14	1	15	0.00001
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	729	S	4312	2185	6497	0.00465
<i>Aggregatibacter segnis</i>	739	S	15	4	19	0.00001
<i>Thalassolituus oleivorans</i>	187493	S	157	9	166	0.00012
<i>Acidihalobacter ferrooxidans</i>	1765967	S	40	13	53	0.00004
<i>Thioalkalivibrio paradoxus</i>	108010	S	18	0	18	0.00001
<i>Dichelobacter nodosus</i>	870	S	31	2	33	0.00002
<i>Xanthomonas citri</i>	346	S	24	12	36	0.00003
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	44742	S	2460	1171	3631	0.00260
<i>Lawsonia intracellularis</i>	29546	S	79	-79	0	0.00000
<i>Geothallobacter subterraneus</i>	483547	S	24	330	354	0.00025
<i>Helicobacter sp. MIT 01-6242</i>	222136	S	3051	59	3110	0.00223
<i>Campylobacter gracilis</i>	824	S	38	13	51	0.00004
<i>Campylobacter concisus</i>	199	S	14	13	27	0.00002
<i>Rickettsia raoultii</i>	369822	S	3459	222	3681	0.00264
<i>Rickettsia endosymbiont of Bemisia tabaci</i>	337479	S	87	0	87	0.00006
<i>Asticcacaulis excentricus</i>	78587	S	524	21	545	0.00039
<i>Niveispirillum cyanobacteriorum</i>	1612173	S	252	25	277	0.00020
<i>Candidatus Phaeoamrinobacter ectocarpus</i>	1458461	S	26	14	40	0.00003
<i>Candidatus Puniceispirillum marinum</i>	767892	S	51	1	52	0.00004
<i>Burkholderiales bacterium YL45</i>	1834205	S	161	870	1031	0.00074
<i>Sutterella sp. 6FBBBH3</i>	2259134	S	16	237	253	0.00018
<i>Akkermansia muciniphila</i>	239935	S	29656	10455	40111	0.02872
<i>Akkermansia glycaniphila</i>	1679444	S	16	3	19	0.00001
<i>Verrucomicrobium sp. GAS474</i>	1882831	S	12	0	12	0.00001
<i>Ereboglobus luteus</i>	1796921	S	18	1	19	0.00001
<i>Singulisphaera acidiphila</i>	466153	S	37	0	37	0.00003
<i>Candidatus Kuenenia stuttgartiensis</i>	174633	S	11	0	11	0.00001
<i>Mesotoga prima</i>	1184387	S	2807	14	2821	0.00202
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	860	S	818	520	1338	0.00096
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	851	S	221	4	225	0.00016
<i>Leptotrichia buccalis</i>	40542	S	10	130	140	0.00010
<i>Candidatus Saccharibacteria oral taxon TM7x</i>	1476577	S	1101	136	1237	0.00089
<i>Candidatus Saccharibacteria bacterium YM_S32_TM7_50_20</i>	2056494	S	100	0	100	0.00007

<i>Cloacibacillus porcorum</i>	1197717	S	917	180	1097	0.00079
<i>Jonquetella anthropi</i>	428712	S	12	1	13	0.00001
<i>Candidatus Solibacter usitatus</i>	332163	S	988	6	994	0.00071
<i>Elusimicrobium minutum</i>	423605	S	19	6	25	0.00002
<i>Thermodesulfatator indicus</i>	171695	S	10	0	10	0.00001
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	2173	S	7187	5834	13021	0.00932
<i>Methanobrevibacter sp. AbM4</i>	224719	S	17	3	20	0.00001
<i>Methanosphaera stadtmanae</i>	2317	S	409	15	424	0.00030
<i>Homo sapiens</i>	9606	S	28	1	29	0.00002

09 de abril de 2024