



Análisis metagenómico HUMICQ MAX 1L EL1270-22

Lote: ND - 20/10/2022

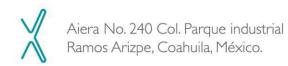
Cliente: Humic Solutions

Empresa: Humic Solutions SAS de

CV

Código de registro EL1270-22

Lote 20 de octubre de 2021 Fecha de recepción 20 de octubre de 2022 Fecha de informe 13 de enero de 2023



Tel.





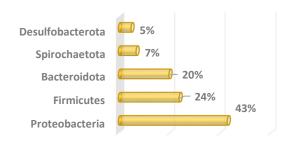
Informe de resultados

POBLACIÓN MICROBIANA

Toda la información mostrada en este reporte está basada en la detección de 542 especies diferentes.

Calcarisporiellomycota Mucoromycota Basidiomycota Mortierellomycota Ascomycota Ascomycota Pungi 0 0 0 Mucoromycota 11% 84%

Distribución Phylum Bacteria



CONCLUSIONES

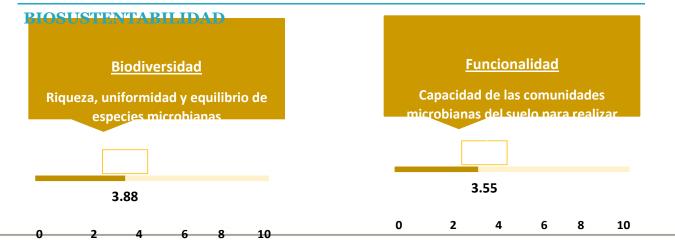
Fortalezas

Liberación de nitrógeno inorgánico

Fijación de carbono

82%

69%





Tel. (844) 488 26 27 Email. biorganix@biorganix.com.mx



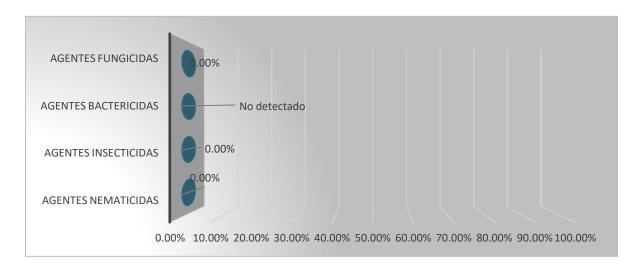


MEJORA DE LA SANIDAD VEGETAL

Agentes de biocontrol, organismos promotores del crecimiento vegetal.

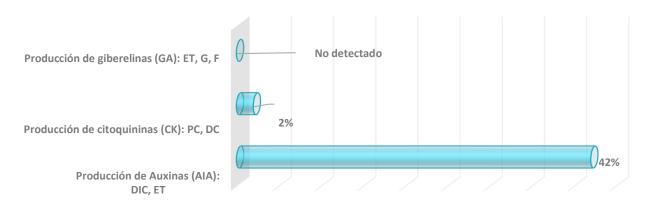
⇒ BIOCONTROL

Especies microbianas agrupadas según el tipo de plaga que encuentran, capaces de evitar que las especies patógenas se arraiguen o proliferen.



PRODUCCIÓN DE HORMONAS

Especies microbianas agrupadas según el tipo de fitohormona que generan.



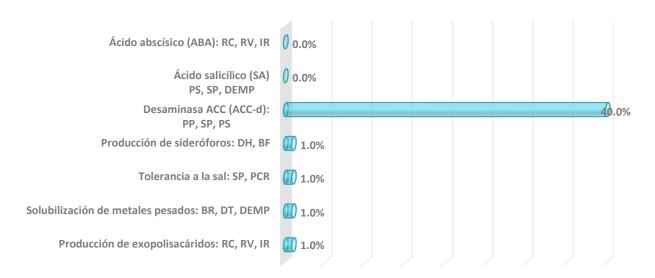
ET Elongación de tallo
 G Germinación
 PC Proliferación celular
 DC Diferenciación celular
 DIC División celular





⇒ ADAPTACIÓN AL ESTRÉS

Especies microbianas agrupadas según su relación con el metabolismo vinculado a la capacidad de resistir y condiciones de estrés.



SP	Protección contra salinidad	PS	Protección contra sequía	DT	Desintoxicación
TN	Trampa de nutrientes	PP	Protección contra patógenos	DEMP	Disminuir el estrés de los metales pesados
RC	Regulador de crecimiento	BR	Biorremediación	PR	Promoción de raíces
RV	Resistencia vegetal	DH	Disponibilidad de hierro	BF	Biofertilizante
IR	Incrementa rendimientos				

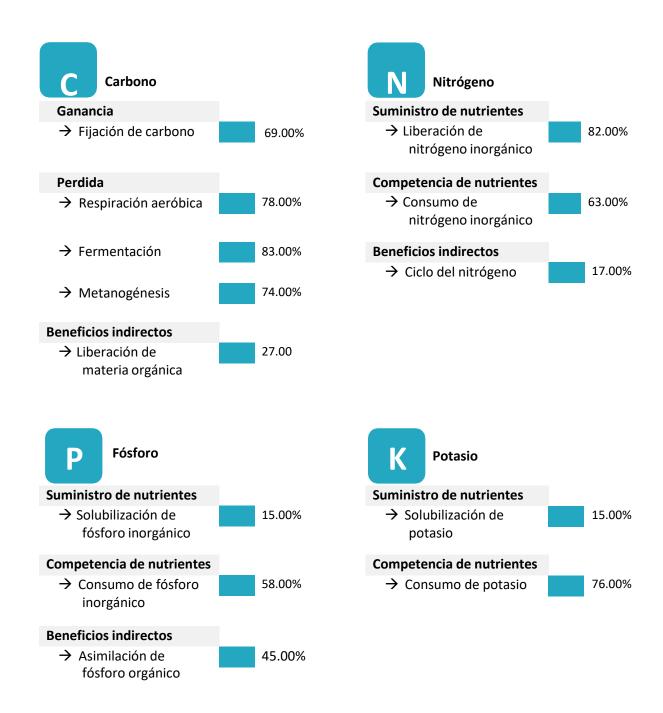




□ NUTRICIÓN

Estado nutricional basado en la movilización microbiana de determinados compuestos.

COMPUESTOS PRINCIPALES







COMPUESTOS MENORES

Fe Hierro		Ca Calcio	
Asimilación de hierro	47.00%	Transporte de calcio	77.00%
Cu Cobre		Mg Magnesio	
Transporte de cobre	58.00%	Transporte de magnesio	52.00%
Zn Zinc		Mn Manganeso	
Equilibrio de transporte de Zinc	20.00%	Equilibrio del transporte de manganeso	45.00%
S Azufre		Cl Cloro	
Equilibrio del ciclo del azufre	56.00%	Transporte de cloro	85.00%





CUANTIFICACIÓN BACTERIANA

Metodología

La secuenciación Next-Gen en combinación con una cantidad conocida de muestra permite el conocimiento de la carga microbiana total. El presente análisis se basa en la aplicación de una adición de cantidades conocidas de una secuencia de ADN patentada en muestras crudas. Después de la secuenciación y procesamiento de datos, la abundancia relativa de la adición exógena nos permite extrapolar la cantidad absoluta original de las copias 16S de la especie de muestra, mientras que el conocimiento del número de copias del gen por genoma en la especie nos permite calcular el número de células. Los resultados se expresan en "células por gramo" o "células por mililitro", dependiendo de si la muestra es sólida o líquida.

Tabla 1. Cuantificación basada en el número de células por mililitro del suelo y agrupadas por abundancia.

	Género y especie	UFC/mL	Género y especie	UFC/mL
1	Acinetobacter schindleri	2.32x10 ⁹	14 Methanomassiliicoccus sp.	2.24 x10 ⁸
2	Parabacteroides chartae	1.59x10 ⁹	15 Proteiniphilum sp.	2.06x10 ⁸
3	Desulfomicrobium salsuginis	1.16 x10 ⁹	16 Acinetobacter junii	1.50x10 ⁸
4	Sphaerochaeta associata	9.30x10 ⁸	17 Pseudomonas alcaligenes	1.45x10 ⁸
5	Soehngenia sp.	5.65x10 ⁸	18 Paludibacter sp.	1.31x10 ⁸
6	Acinetobacter variabilis	4.19x10 ⁸	19 Cloacibacterium sp.	1.13x10 ⁸
7	Anaerocella sp.	4.03x10 ⁸	20 Klebsiella pneumoniae	8.36x10 ⁷
8	Erysipelothrix sp.	3.49x10 ⁸	21 Methanoculleus sp.	8.09x10 ⁷
9	Fastidiosipila sp.	3.23x10 ⁸	22 Methanosarcina mazei	7.96x10 ⁷
10) <i>Lentimicrobium</i> sp.	3.10x10 ⁸	23 Acinetobacter sp.	7.31x10 ⁷
1	1 Sedimentibacter sp.	2.90x10 ⁸	24 Clostridium sp.	6.92x10 ⁷
12	2 Petrimonas sulfuriphila	2.68x10 ⁸	25 Tangfeifania sp.	5.98x10 ⁷
13	3 Anaerosporobacter sp.	2.51x10 ⁸	26 Oscillibacter sp.	5.73x10 ⁷



Tel. (844) 488 26 27 Email. biorganix@biorganix.com.mx





5.33x10 ⁷	48 Fermentimonas caenicola	1.48x10 ⁷
5.19x10 ⁷	49 Exiguobacterium aurantiacum	1.42x10 ⁷
4.30x10 ⁷	50 Ereboglobus luteus	1.38x10 ⁷
4.30x10 ⁷	51 <i>Mobilitalea</i> sp.	1.37x10 ⁷
3.56x10 ⁷	52 <i>Gracilibacter</i> sp.	1.37x10 ⁷
3.46x10 ⁷	53 Pseudomonas stutzeri	1.30x10 ⁷
2.76x10 ⁷	54 Alcaligenes faecalis	1.29x10 ⁷
2.57x10 ⁷	55 Clostridium subterminale	1.27x10 ⁷
2.56x10 ⁷	56 Tissierella sp.	1.26x10 ⁷
2.51x10 ⁷	57 Hydrogenispora sp.	1.24x10 ⁷
2.27x10 ⁷	58 Anaerobacterium sp.	1.24x10 ⁷
2.21x10 ⁷	59 Sumerlaea sp.	1.23x10 ⁷
2.14x10 ⁷	60 Methanobacterium sp.	1.21x10 ⁷
2.01x10 ⁷	61 Kineothrix alysoides	1.13x10 ⁷
2.71x10 ⁷	62 Desulfovibrio vulgaris	1.04x10 ⁷
1.73x10 ⁷	63 <i>Pelospora</i> sp.	1.01x10 ⁷
1.67x10 ⁷	64 <i>Lutispora</i> sp.	9.63x10 ⁶
1.57x10 ⁷	65 Blastopirellula sp.	9.44x10 ⁶
1.57x10 ⁷	66 Oscillospira sp.	9.28x10 ⁶
1.54x10 ⁷	67 Methanoculleus horonobensis	9.13x10 ⁶
1.54x10 ⁷	68 Aeromonas veronii	8.94x10 ⁶
	5.19x10 ⁷ 4.30x10 ⁷ 4.30x10 ⁷ 3.56x10 ⁷ 3.46x10 ⁷ 2.76x10 ⁷ 2.57x10 ⁷ 2.56x10 ⁷ 2.51x10 ⁷ 2.21x10 ⁷ 2.14x10 ⁷ 2.14x10 ⁷ 2.71x10 ⁷ 1.73x10 ⁷ 1.57x10 ⁷ 1.57x10 ⁷ 1.54x10 ⁷	49 Exiguobacterium aurantiacum 4.30x10 ⁷ 50 Ereboglobus luteus 4.30x10 ⁷ 51 Mobilitalea sp. 3.56x10 ⁷ 52 Gracilibacter sp. 3.46x10 ⁷ 53 Pseudomonas stutzeri 2.76x10 ⁷ 54 Alcaligenes faecalis 2.57x10 ⁷ 55 Clostridium subterminale 2.56x10 ⁷ 56 Tissierella sp. 2.27x10 ⁷ 58 Anaerobacterium sp. 2.21x10 ⁷ 59 Sumerlaea sp. 2.14x10 ⁷ 60 Methanobacterium sp. 2.01x10 ⁷ 61 Kineothrix alysoides 2.71x10 ⁷ 62 Desulfovibrio vulgaris 1.73x10 ⁷ 63 Pelospora sp. 1.67x10 ⁷ 64 Lutispora sp. 1.57x10 ⁷ 65 Blastopirellula sp. 1.57x10 ⁷ 66 Oscillospira sp. 1.54x10 ⁷ Methanoculleus horonobensis







69 Anaerotignum lactatifermentans	8.87x10 ⁶	91 Pseudomonas putida	5.04x10 ⁶
70 Pirellula sp.	8.81x10 ⁶	92 Empedobacter sp.	5.04x10 ⁶
71 Empedobacter brevis	8.72x10 ⁶	93 Altererythrobacter sp.	5.04x10 ⁶
72 Intestinimonas massiliensis	8.50x10 ⁶	94 Luteitalea pratensis	5.04x10 ⁶
73 Clostridium swellfunianum	8.22x10 ⁶	95 Mycobacterium elephantis	5.04x10 ⁶
74 Terrisporobacter mayombei	8.06x10 ⁶	96 Acinetobacter ursingii	4.90x10 ⁶
75 Geobacter anodireducens	7.55x10 ⁶	97 <i>Terrimicrobium</i> sp.	4.72x10 ⁶
76 Methyloceanibacter sp.	7.24x10 ⁶	98 Gemmatimonas sp.	4.72x10 ⁶
77 Clostridium tertium	6.89x10 ⁶	99 Rhodopirellula sp.	4.72x10 ⁶
78 Sporacetigenium mesophilum	6.83x10 ⁶	100 Herbinix sp.	4.72x10 ⁶
79 Desulfosporosinus sp.	6.29x10 ⁶	101 Corynebacterium halotolerans	4.64x10 ⁶
80 Amnipila sp.	6.19x10 ⁶	102 Nitrosarchaeum sp.	4.41x10 ⁶
81 Chryseolinea sp.	6.19x10 ⁶	103 Methanosarcina sp.	4.41x10 ⁶
82 Nitrosocosmicus sp.	6.14x10 ⁶	104 Proteiniphilum saccharofermentans	4.41x10 ⁶
83 Fonticella sp.	6.08x10 ⁶	105 Methanobacterium flexile	4.41x10 ⁶
84 Anaerocolumna sp.	5.87x10 ⁶	106 Desulfotomaculum sp.	4.33x10 ⁶
85 Papillibacter sp.	5.66x10 ⁶	107 Oxobacter sp.	4.27x10 ⁶
86 Stenotrophomonas maltophilia	5.66x10 ⁶	108 Ilumatobacter sp.	4.25x10 ⁶
87 Pseudomonas flexibilis	5.66x10 ⁶	109 Sulfurospirillum sp.	4.25x10 ⁶
88 Nitrospira sp.	5.66x10 ⁶	110 Terrisporobacter sp.	4.22x10 ⁶
89 Stenotrophobacter sp.	5.35x10 ⁶	111 Elizabethkingia anophelis	4.22x10 ⁶
90 Nitrosocosmicus oleophilus	5.35x10 ⁶	112 Syntrophomonas sp.	4.20x10 ⁶







113	Pedomicrobium sp.	4.09x10 ⁶		140	Methylobacter sp.	2.67x10 ⁶
114	Pseudomonas jinjuensis	4.01x10 ⁶		141 ps	Leuconostoc eudomesenteroide	2.60x10 ⁶
115	Massilimaliae timonensis	3.93x10 ⁶		142	Desulfofarcimen sp.	2.58x10 ⁶
116	Comamonas terrigena	3.84x10 ⁶		143	Luteitalea sp.	2.52x10 ⁶
117	Nitrosotenuis sp.	3.78x10 ⁶		144 ch	Methanoculleus ikugoensis	2.52x10 ⁶
118	Syntrophobacter sp.	3.78x10 ⁶		145	Povalibacter uvarum	2.52x10 ⁶
119	Leeia sp.	3.70x10 ⁶		146 xy	Achromobacter losoxidans	2.52x10 ⁶
120	Thermoactinomyces sp.	3.69x10 ⁶		147	Thermobifida fusca	2.52x10 ⁶
121	Planifilum sp.	3.57x10 ⁶		148	Ercella sp.	2.44x10 ⁶
122	Acinetobacter radioresistens	3.51x10 ⁶		149	Alkalibacter sp.	2.39x10 ⁶
123	Meniscus glaucopis	3.46x10 ⁶		150	Truepera sp.	2.36x10 ⁶
124	Proteiniphilum acetatigenes	3.46x10 ⁶		151 xy	Ruminofilibacter lanolyticum	2.36x10 ⁶
125	Phenylobacterium sp.	3.46x10 ⁶		152	Anaerolinea sp.	2.20x10 ⁶
126	Pseudorhodoplanes sp.	3.46x10 ⁶		153	Actinotalea fermentans	2.20x10 ⁶
127	Acinetobacter tandoii	3.41x10 ⁶		154	Hyphomicrobium sp.	2.20x10 ⁶
128	Corynebacterium variabile	3.41x10 ⁶		155	Sphingopyxis granuli	2.20x10 ⁶
129	Anaerosporobacter mobilis	3.40x10 ⁶		156	Cephaloticoccus sp.	2.20x10 ⁶
130 fo	Methanobacterium rmicicum	3.30x10 ⁶		157	Exiguobacterium undae	2.17x10 ⁶
131	Victivallis sp.	3.15x10 ⁶		158	Anaerostignum sp.	2.11x10 ⁶
132	Brevundimonas diminuta	3.15x10 ⁶		159	Syntrophomonas zehnderi	2.10x10 ⁶
133	Bryobacter sp.	3.15x10 ⁶		160	Thermomonospora curvata	2.05x10 ⁶
134	Shewanella putrefaciens	2.95x10 ⁶		161	Bacillus sp.	2.01x10 ⁶
135	Acinetobacter baumannii	2.88x10 ⁶		162	Rhizobium undicola	1.99x10 ⁶
136	Anaerobranca sp.	2.83x10 ⁶		163 sze	Methylocaldum egediense	1.89x10 ⁶
137	Devosia insulae	2.83x10 ⁶		164	Ignavibacterium sp.	1.89x10 ⁶
138	Intestinimonas sp.	2.83x10 ⁶		165	Tepidanaerobacter sp.	1.89x10 ⁶
			-			







166	Bacillus circulans	1.86x10 ⁶	193 Thauera sp.	1.34x10 ⁶
167	Laceyella sacchari	1.84x10 ⁶	194 Soleaferrea sp.	1.34x10 ⁶
168	Macellibacteroides sp.	1.73x10 ⁶	195 Clostridium malenominatum	1.29x10 ⁶
169	Draconibacterium sp.	1.73x10 ⁶	196 Cellulosimicrobium cellulans	1.26x10 ⁶
170	Planifilum composti	1.73x10 ⁶	197 Sphingomonas paucimobilis	1.26x10 ⁶
171	Planifilum fulgidum	1.68x10 ⁶	198 Dehalobacter sp.	1.26x10 ⁶
172	Verrucosispora sp.	1.68x10 ⁶	199 Phenylobacterium mobile	1.26x10 ⁶
173	Kroppenstedtia eburnea	1.65x10 ⁶	200 Pedococcus dokdonensis	1.26x10 ⁶
174	<i>Ureibacillus</i> sp.	1.64x10 ⁶	201 Brevundimonas terrae	1.26x10 ⁶
175	Nocardioides sp.	1.57x10 ⁶	202 Mesorhizobium sp.	1.26x10 ⁶
176	Pseudolabrys sp.	1.57x10 ⁶	203 Woeseia sp.	1.26x10 ⁶
177	Haliangium sp.	1.57x10 ⁶	204 Desulfitibacter sp.	1.26x10 ⁶
178	Reyranella sp.	1.57x10 ⁶	205 Sphingomonas sp.	1.26x10 ⁶
179	Micromonospora sp.	1.57x10 ⁶	206 Gaiella sp.	1.26x10 ⁶
180	Geobacillus sp.	1.57x10 ⁶	207 <i>Pseudoclostridium</i> sp.	1.18x10 ⁶
181	Stenotrophomonas sp.	1.57x10 ⁶	208 Paludicola sp.	1.18x10 ⁶
182	Sporacetigenium sp.	1.57x10 ⁶	209 Bacillus lichiniformes	1.17x10 ⁶
183	Devosia sp.	1.57x10 ⁶	210 Streptomyces sp.	1.15x10 ⁶
184	Filomicrobium sp.	1.57x10 ⁶	211 Acetobacter aceti	1.15x10 ⁶
185	Steroidobacter sp.	1.57x10 ⁶	212 Streptomyces thermocarboxydus	1.15x10 ⁶
186	Acidibacter sp.	1.57x10 ⁶	213 Actinomadura sp.	1.13x10 ⁶
187	Terrimonas sp.	1.47x10 ⁶	214 Neobacillus drentensis	1.12x10 ⁶
188	Thermoflavimicrobium sp.	1.42x10 ⁶	215 Rhodococcus sp.	1.10x10 ⁶
189	Novibacillus thermophilus	1.42x10 ⁶	216 Pseudomonas indica	1.10x10 ⁶
190	Pelospora glutarica	1.42x10 ⁶	217 Halocella sp.	1.10x10 ⁶
191 ps	Marinilactibacillus Sychrotolerans	1.38x10 ⁶	218 Soleaferrea massiliensis	1.10x10 ⁶
192	Saccharomonospora viridis	1.36x10 ⁶	219 Rhodoplanes sp.	1.10x10 ⁶







220	Thermomonas fusca	1.10x10 ⁶		245	Caproiciproducens sp.	7.87x10 ⁵
221	Desulfuromonas soudanensis	1.10x10 ⁶		246	Pseudomonas mendocina	7.87x10 ⁵
222	Thermasporomyces composti	1.10x10 ⁶		247 az	Microbacterium adirachtae	7.87x10 ⁵
223	Natronincola peptidivorans	1.08x10 ⁶		248	Bauldia sp.	7.87x10 ⁵
224	Salinispora sp.	1.05x10 ⁶		249	Petrimonas sp.	7.87x10 ⁵
225	Mesobacillus foraminis	1.03x10 ⁶		250	Nitrolancea hollandica	7.87x10 ⁵
226	Anaerotaenia torta	1.02x10 ⁶		251	Limibaculum sp.	7.87x10 ⁵
227	Lysinibacillus massiliensis	9.70x10 ⁵		252	Enhygromyxa sp.	7.87x10 ⁵
228	Nannocystis sp.	9.44x10 ⁵		253	Clostridium novyi	7.55x10 ⁵
229 m	Sphingobacterium ultivorum	9.44x10 ⁵		254	Hazenella coriacea	7.34x10 ⁵
230	Thermoactinomyces vulgaris	9.44x10 ⁵		255	Stenotrophomonas idaminiphila	7.34x10 ⁵
231	231 Sedimentibacter 9 hongkongensis		9.44x10 ⁵ 256 Saccharomonospora azurea		7.34x10 ⁵	
232	Exiguobacterium acetylicum	9.44x10 ⁵		257	Butyricicoccus sp.	7.34x10 ⁵
233	Methanosarcina thermophila	9.44x10 ⁵		258	Comamonas testosteroni	7.19x10 ⁵
234 di	Desulfitobacterium chloroeliminans	8.92x10 ⁵		259	Dethiobacter sp.	7.08x10 ⁵
235 re	Saccharopolyspora ctivirgula	8.81x10 ⁵	-	260	Thermobispora bispora	7.08x10 ⁵
236	Bacillus benzoevorans	8.81x10 ⁵		261 th	Geobacillus ermodenitrificans	6.92x10 ⁵
237	Shewanella decolorationis	8.74x10 ⁵		262	Clostridium aceticum	6.82x10 ⁵
238	Dethiobacter alkaliphilus	8.65x10 ⁵		263	Cryptanaerobacter sp.	6.69x10 ⁵
239	Gluconacetobacter sacchari	8.65x10 ⁵		264	Methanosaeta sp.	6.29x10 ⁵
240	Flavobacterium Incheonense	8.54x10 ⁵	-	265	Vampirovibrio sp.	6.29x10 ⁵
241	Pseudaminobacter sp.	8.39x10 ⁵		266	Desulfovibrio sp.	6.29x10 ⁵
242	Desulfotomaculum defluvii	8.26x10 ⁵		267	Tepidimicrobium sp.	6.29x10 ⁵
243	Flavobacterium sp.	8.09x10 ⁵		268	Reyranella aquatilis	6.29x10 ⁵
244	Pseudomonas sp.	7.87x10 ⁵	_	269 th	Symbiobacterium ermophilum	6.29x10 ⁵







			_			
270	Sphingobium yanoikuyae	6.29x10 ⁵	2 9	96	Sphaerimonospora sp.	4.72x10 ⁵
271	Geoalkalibacter sp.	6.29x10 ⁵	29	97	Labrys sp.	4.72x10 ⁵
272	Riegeria sp.	6.29x10 ⁵	29	98	<i>Afipia</i> sp.	4.72x10 ⁵
273	Actinocorallia libanotica	6.29x10 ⁵	29	9 9 su	Desulfovibrio lfodismutans	4.72x10 ⁵
274	Sphaerobacter thermophilus	$6.29x10^5$	30	00	Actinopolymorpha sp.	4.72x10 ⁵
275	Myroides odoratus	5.94x10 ⁵	30	01 su	Methanobacterium bterraneum	4.72x10 ⁵
276	Lentilactobacillus sp.	5.66x10 ⁵	30	02	Caldalkalibacillus sp.	4.50x10 ⁵
277	Saccharopolyspora sp.	5.66x10 ⁵	30	03	Haloplasma sp.	4.50x10 ⁵
278 ps	Pseudomonas ychrotolerans	5.66x10 ⁵	30	04	Bacillus pervagus	4.41x10 ⁵
279	Caldibacillus sp.	5.59x10 ⁵	30	05	Anaerofustis sp.	4.41x10 ⁵
280	Bacillus thermoamylovorans	5.51x10 ⁵	30	06	Cytobacillus firmus	4.41x10 ⁵
281	Clostridium beijerinckii	5.39x10 ⁵	30	07	Clostridium magnum	4.20x10 ⁵
282	Brevibacillus thermoruber	5.33x10 ⁵	30	08	Sporomusa sp.	4.20x10 ⁵
283	Thermopolyspora flexuosa	5.25x10 ⁵	30	09	Pseudonocardia zijingensis	4.20x10 ⁵
284	Desulfocurvibacter africanus	5.25x10 ⁵	32	10 sa	Hungateiclostridium ccincola	4.20x10 ⁵
285	Ohtaekwangia sp.	5.25x10 ⁵	3	11	Sterolibacterium sp.	4.20x10 ⁵
286	Luteolibacter sp.	5.25x10 ⁵	3	12	Solibacillus sp.	4.20x10 ⁵
287	Acetanaerobacterium sp.	5.25x10 ⁵	3	13	Faecalibacterium sp.	4.20x10 ⁵
288 is a	Anaerobacillus osaccharinicus	5.15x10 ⁵	3	14	Longispora sp.	4.20x10 ⁵
289	Alkaliphilus oremlandii	5.11x10 ⁵	33	15	Bacillus coagulans	4.09x10 ⁵
290	Faecalicatena contorta	5.04x10 ⁵	3	16	Fimbriiglobus sp.	3.93x10 ⁵
291	Delftia sp.	5.04x10 ⁵	3	17	Clostridium intestinale	3.85x10 ⁵
292	Thermobacillus sp.	5.04x10 ⁵	3	18	Faecalicatena fissicatena	3.78x10 ⁵
293	Pedobacter sp.	4.72x10 ⁵	31	19 se	Massilibacterium negalense	3.78x10 ⁵
294	Pedobacter ureilyticus	4.72x10 ⁵	32	20 ta	Chryseobacterium ihuense	3.78x10 ⁵
295	Pelotomaculum sp.	4.72x10 ⁵	32	21	Bacillus timonensis	3.78x10 ⁵



(844) 488 26 27





323 Empedobacter falsenii 3.60x10 ⁵ 350 Desulfitobacterium hafniense 3.15x10 ⁵ 324 Raoultella ornithinolytica 3.54x10 ⁵ 351 Chloroploca sp. 3.15x10 ⁵ 325 Paenibacillus barengoltzii 3.46x10 ⁵ 352 Pseudarcobacter aquimarinus 3.15x10 ⁵ 326 Bacillus ceanisediminis 3.46x10 ⁵ 353 Gordonia para5nivorans 2.90x10 ⁵ 327 Anaerobacillus sp. 3.43x10 ⁵ 354 Brevibacillus limnophilus 2.90x10 ⁵ 328 Bacillus smithii 3.43x10 ⁵ 355 Sporromusa sphaeroides 2.88x10 ⁵ 329 Agrobacterium tumefaciens 3.15x10 ⁵ 356 Lysinibacillus sphaericus 2.88x10 ⁵ 331 Elioraea tepidiphila 3.15x10 ⁵ 357 Alkaliphilus sphaericus 2.88x10 ⁵ 332 Aeribacillus pallidus 3.15x10 ⁵ 360 Peulifuribacillus sphaericus 2.70x10 ⁵ 333 Pseudobacterioides 3.15x10 ⁵ 360 Peulifuribacillus sphaericus 2.70x10 ⁵ 334 Glutamicibacter	322	Acinetobacter baylyi	3.60x10 ⁵	349	Actinomadura rubrobrunea	3.15x10 ⁵
325 Paenibacillus barengoltzii 3.46x10 ⁵ 352 Pseudarcobacter aquimarinus 3.15x10 ⁵ 326 Bacillus oceanisediminis 3.46x10 ⁵ 353 Gordonia para5nivorans 2.90x10 ⁵ 327 Anaerobacillus sp. 3.43x10 ⁵ 354 Brevibacillus limnophilus 2.90x10 ⁵ 328 Bacillus smithii 3.43x10 ⁵ 355 Sporomusa sphaeroides 2.88x10 ⁵ 329 Agrobacterium tumefaciens 3.15x10 ⁵ 356 Lysinibacillus sphaericus 2.88x10 ⁵ 330 Pseudomonas linyingensis 3.15x10 ⁵ 357 Alkaliphilus sp. 2.80x10 ⁵ 331 Elioraea tepidiphila 3.15x10 ⁵ 358 Desulfurispora sp. 2.75x10 ⁵ 332 Aeribacillus pallidus 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 333 Pseudobacterioides cellulosolvens 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x10 ⁵ 361 Clostridium paraputrificum paraputrificum protophoriniae 3.15x10 ⁵ 362 Paenibacill	323	Empedobacter falsenii	3.60x10 ⁵		•	3.15x10 ⁵
325 Paenibacillus barengoltzii 3.46x10 ⁵ aquimarinus 3.15x10 ⁵ 326 Bacillus oceanisediminis 3.46x10 ⁵ 353 Gordonia para5nivorans 2.90x10 ⁵ 327 Anaerobacillus sp. 3.43x10 ⁵ 354 Brevibacillus limnophilus 2.90x10 ⁵ 328 Bacillus smithii 3.43x10 ⁵ 355 Sporomusa sphaeroides 2.88x10 ⁵ 329 Agrobacterium tumefaciens 3.15x10 ⁵ 356 Lysinibacillus sphaericus 2.88x10 ⁵ 330 Pseudomonas linyingensis 3.15x10 ⁵ 357 Alkaliphilus sp. 2.80x10 ⁵ 331 Elioraea tepidiphila 3.15x10 ⁵ 358 Desulfurispora sp. 2.75x10 ⁵ 332 Aeribacillus pallidus 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x10 ⁵ 361 Clostridium paraputrificum 2.52x10 ⁵ 335 Symbiobacterium terraclitae 3.15x10 ⁵ 362 Paenibacillus sp. 2.52x10 ⁵ 336 Microvirga lotononidis 3.15x10 ⁵ <	324	Raoultella ornithinolytica	3.54x10 ⁵	351	Chloroploca sp.	3.15x10 ⁵
327 Anaerobacillus sp. 3.43x10 ⁵ 354 Brevibacillus limnophilus 2.90x10 ⁵ 328 Bacillus smithii 3.43x10 ⁵ 355 Sporomusa sphaeroides 2.88x10 ⁵ 329 Agrobacterium tumefaciens 3.15x10 ⁵ 356 Lysinibacillus sphaericus 2.88x10 ⁵ 330 Pseudomonas linyingensis 3.15x10 ⁵ 357 Alkaliphilus sp. 2.80x10 ⁵ 331 Elioraea tepidiphila 3.15x10 ⁵ 358 Desulfurispora sp. 2.75x10 ⁵ 332 Aeribacillus pallidus 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 333 Pseudobacteroides cellulosolvens 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x10 ⁵ 361 Clostridium paraputrificum 2.52x10 ⁵ 336 Microvirga lotononidis 3.15x10 ⁵ 362 Paenibacillus sp. 2.52x10 ⁵ 337 Anaerotignum propionicum 3.15x10 ⁵ 364 Ureibacillus defluvii 2.45x10 ⁵ 338 Rhodococcus hoagii 3.15x10 ⁵ 365 Clostridium amylolyticum 2.45x10 ⁵ 340 Angelakisella sp. 3.15x10 ⁵ 366 Lysinibacillus sp. 2.36x10 ⁵ 341 Succinispira sp. 3.15x10 ⁵ 368 Pajaroellobact	325	Paenibacillus barengoltzii	3.46x10 ⁵			3.15x10 ⁵
328 Bacillus smithii 3.43x10 ⁵ 355 Sporomusa sphaeroides 2.88x10 ⁵ 329 Agrobacterium tumefaciens 3.15x10 ⁵ 356 Lysinibacillus sphaericus 2.88x10 ⁵ 330 Pseudomonas linyingensis 3.15x10 ⁵ 357 Alkaliphilus sp. 2.80x10 ⁵ 331 Elioraea tepidiphila 3.15x10 ⁵ 358 Desulfurispora sp. 2.75x10 ⁵ 332 Aeribacillus pallidus 3.15x10 ⁵ 359 Desulfuribacillus sp. 2.70x10 ⁵ 333 Pseudobacteroides cellulosolvens 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x10 ⁵ 361 Clostridium paraputrificum 2.52x10 ⁵ 335 Symbiobacterium terraclitae 3.15x10 ⁵ 362 Paenibacillus sp. 2.52x10 ⁵ 336 Microvirga lotononidis 3.15x10 ⁵ 364 Ureibacillus defluvii 2.45x10 ⁵ 338 Rhodococcus hoagii 3.15x10 ⁵ 365 Clostridium amylolyticum 2.45x10 ⁵ 340 Angelakisella sp. <	326	Bacillus oceanisediminis	3.46x10 ⁵	353	Gordonia para5nivorans	2.90x10 ⁵
329 Agrobacterium tumefaciens 3.15x105 356 Lysinibacillus sphaericus 2.88x105 330 Pseudomonas linyingensis 3.15x105 357 Alkaliphilus sp. 2.80x105 331 Elioraea tepidiphila 3.15x105 358 Desulfurispora sp. 2.75x105 332 Aeribacillus pallidus 3.15x105 359 Desulfuribacillus sp. 2.70x105 333 Pseudobacteroides cellulosolvens 3.15x105 360 Proteiniborus sp. 2.70x105 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x105 361 Clostridium paraputrificum paraputrificum proteinum sp. 2.52x105 336 Microvirga lotononidis 3.15x105 363 Tuzzerella sp. 2.52x105 337 Anaerotignum propionicum 3.15x105 364 Ureibacillus defluvii 2.45x105 338 Rhodococcus hoagii 3.15x105 365 Clostridium amylolyticum 2.45x105 340 Angelakisella sp. 3.15x105 366 Lysinibacillus sp. 2.36x105 342 Turicibacter sanguinis 3.15x105 <th>327</th> <th>Anaerobacillus sp.</th> <th>3.43x10⁵</th> <th>354</th> <th>Brevibacillus limnophilus</th> <th>2.90x10⁵</th>	327	Anaerobacillus sp.	3.43x10 ⁵	354	Brevibacillus limnophilus	2.90x10 ⁵
330 Pseudomonas linyingensis 3.15x10 ⁵ 357 Alkaliphillus sp. 2.80x10 ⁵ 331 Elioraea tepidiphila 3.15x10 ⁵ 358 Desulfurispora sp. 2.75x10 ⁵ 332 Aeribacillus pallidus 3.15x10 ⁵ 359 Desulfuribacillus sp. 2.70x10 ⁵ 333 Pseudobacteroides cellulosolvens 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x10 ⁵ 361 Clostridium paraputrificum clus sp. 2.52x10 ⁵ 335 Symbiobacterium terraclitae 3.15x10 ⁵ 362 Paenibacillus sp. 2.52x10 ⁵ 336 Microvirga lotononidis 3.15x10 ⁵ 363 Tuzzerella sp. 2.52x10 ⁵ 337 Anaerotignum propionicum 3.15x10 ⁵ 364 Ureibacillus defluvii 2.45x10 ⁵ 338 Rhodococcus hoagii 3.15x10 ⁵ 365 Clostridium amylolyticum 2.45x10 ⁵ 340 Angelakisella sp. 3.15x10 ⁵ 366 Lysinibacillus sp. 2.36x10 ⁵ 342 Turicibacter sanguinis	328	Bacillus smithii	3.43x10 ⁵	355	Sporomusa sphaeroides	2.88x10 ⁵
331 Elioraea tepidiphila 3.15x10 ⁵ 358 Desulfurispora sp. 2.75x10 ⁵ 332 Aeribacillus pallidus 3.15x10 ⁵ 359 Desulfuribacillus sp. 2.70x10 ⁵ 333 Pseudobacteroides cellulosolvens 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x10 ⁵ 361 Clostridium paraputrificum 2.52x10 ⁵ 335 Symbiobacterium terraclitae 3.15x10 ⁵ 362 Paenibacillus sp. 2.52x10 ⁵ 336 Microvirga lotononidis 3.15x10 ⁵ 363 Tuzzerella sp. 2.52x10 ⁵ 337 Anaerotignum propionicum 3.15x10 ⁵ 364 Ureibacillus defluvii 2.45x10 ⁵ 338 Rhodococcus hoagii 3.15x10 ⁵ 365 Clostridium amylolyticum 2.45x10 ⁵ 340 Angelakisella sp. 3.15x10 ⁵ 366 Lysinibacillus sp. 2.36x10 ⁵ 341 Succinispira sp. 3.15x10 ⁵ 368 Pajaroellobacter sp. 2.36x10 ⁵ 342 Turicibacter sanguinis 3.15x10 ⁵	329	Agrobacterium tumefaciens	3.15x10 ⁵	356	Lysinibacillus sphaericus	2.88x10 ⁵
332Aeribacillus pallidus3.15x105359Desulfuribacillus sp.2.70x105333Pseudobacteroides cellulosolvens3.15x105360Proteiniborus sp.2.70x105334Glutamicibacter protophormiae3.15x105361Clostridium paraputrificum2.52x105335Symbiobacterium terraclitae3.15x105362Paenibacillus sp.2.52x105336Microvirga lotononidis3.15x105363Tuzzerella sp.2.52x105337Anaerotignum propionicum3.15x105364Ureibacillus defluvii2.45x105338Rhodococcus hoagii3.15x105365Clostridium amylolyticum2.45x105339Chryseobacterium hominis3.15x105366Lysinibacillus sp.2.36x105340Angelakisella sp.3.15x105367Melghirimyces thermohalophilus2.36x105341Succinispira sp.3.15x105368Pajaroellobacter sp.2.36x105342Turicibacter sanguinis3.15x105369Herbinix luporum2.36x105343Dichloromethanomonas sp.3.15x105370Pseudomonas oleovorans2.36x105344Roseomonas sp.3.15x105371Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373Pantoea ananatis2.25x105	330	Pseudomonas linyingensis	3.15x10 ⁵	357	Alkaliphilus sp.	2.80x10 ⁵
333 Pseudobacteroides cellulosolvens 3.15x105 360 Proteiniborus sp. 2.70x105 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x105 361 Clostridium paraputrificum 2.52x105 335 Symbiobacterium terraclitae 3.15x105 362 Paenibacillus sp. 2.52x105 336 Microvirga lotononidis 3.15x105 363 Tuzzerella sp. 2.52x105 337 Anaerotignum propionicum 3.15x105 364 Ureibacillus defluvii 2.45x105 338 Rhodococcus hoagii 3.15x105 365 Clostridium amylolyticum 2.45x105 340 Angelakisella sp. 3.15x105 366 Lysinibacillus sp. 2.36x105 341 Succinispira sp. 3.15x105 368 Pajaroellobacter sp. 2.36x105 342 Turicibacter sanguinis 3.15x105 369 Herbinix luporum 2.36x105 343 Dichloromethanomonas sp. 3.15x105 370 Pseudomonas oleovorans 2.36x105 344 Roseomonas sp. 3.15x105 371 Herbini	331	Elioraea tepidiphila	3.15x10 ⁵	358	Desulfurispora sp.	2.75x10 ⁵
cellulosolvens 3.15x10 ⁵ 360 Proteiniborus sp. 2.70x10 ⁵ 334 Glutamicibacter protophormiae 3.15x10 ⁵ 361 Clostridium paraputrificum 2.52x10 ⁵ 335 Symbiobacterium terraclitae 3.15x10 ⁵ 362 Paenibacillus sp. 2.52x10 ⁵ 336 Microvirga lotononidis 3.15x10 ⁵ 363 Tuzzerella sp. 2.52x10 ⁵ 337 Anaerotignum propionicum 3.15x10 ⁵ 364 Ureibacillus defluvii 2.45x10 ⁵ 338 Rhodococcus hoagii 3.15x10 ⁵ 365 Clostridium amylolyticum 2.45x10 ⁵ 339 Chryseobacterium hominis 3.15x10 ⁵ 366 Lysinibacillus sp. 2.36x10 ⁵ 340 Angelakisella sp. 3.15x10 ⁵ 367 Melghirimyces thermohalophilus 2.36x10 ⁵ 341 Succinispira sp. 3.15x10 ⁵ 368 Pajaroellobacter sp. 2.36x10 ⁵ 342 Turicibacter sanguinis 3.15x10 ⁵ 369 Herbinix luporum 2.36x10 ⁵ 343 Dichloromethanomonas sp. 3.15x10 ⁵ 371 <th>332</th> <th>Aeribacillus pallidus</th> <th>3.15x10⁵</th> <th>359</th> <th>Desulfuribacillus sp.</th> <th>2.70x10⁵</th>	332	Aeribacillus pallidus	3.15x10 ⁵	359	Desulfuribacillus sp.	2.70x10 ⁵
protophormiae3.15x105361Clostridium paraputrificum2.52x105335Symbiobacterium terraclitae3.15x105362Paenibacillus sp.2.52x105336Microvirga lotononidis3.15x105363Tuzzerella sp.2.52x105337Anaerotignum propionicum3.15x105364Ureibacillus defluvii2.45x105338Rhodococcus hoagii3.15x105365Clostridium amylolyticum2.45x105339Chryseobacterium hominis3.15x105366Lysinibacillus sp.2.36x105340Angelakisella sp.3.15x105367Melghirimyces thermohalophilus2.36x105341Succinispira sp.3.15x105368Pajaroellobacter sp.2.36x105342Turicibacter sanguinis3.15x105369Herbinix luporum2.36x105343Dichloromethanomonas sp.3.15x105370Pseudomonas oleovorans2.36x105344Roseomonas sp.3.15x105371Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373Pantoea ananatis2.25x105			3.15x10 ⁵	360	Proteiniborus sp.	2.70x10 ⁵
336 Microvirga lotononidis 3.15x10 ⁵ 363 Tuzzerella sp. 2.52x10 ⁵ 337 Anaerotignum propionicum 3.15x10 ⁵ 364 Ureibacillus defluvii 2.45x10 ⁵ 338 Rhodococcus hoagii 3.15x10 ⁵ 365 Clostridium amylolyticum 2.45x10 ⁵ 340 Angelakisella sp. 3.15x10 ⁵ 366 Lysinibacillus sp. 2.36x10 ⁵ 341 Succinispira sp. 3.15x10 ⁵ 368 Pajaroellobacter sp. 2.36x10 ⁵ 342 Turicibacter sanguinis 3.15x10 ⁵ 369 Herbinix luporum 2.36x10 ⁵ 343 Dichloromethanomonas sp. 3.15x10 ⁵ 370 Pseudomonas oleovorans 2.36x10 ⁵ 344 Roseomonas sp. 3.15x10 ⁵ 371 Herbinix hemicellulosilytica 2.36x10 ⁵ 345 Arthrospira platensis 3.15x10 ⁵ 372 Inordinaticella fortuita 2.25x10 ⁵ 346 Tepidimicrobium 3.15x10 ⁵ 373 Pantoea ananatis 2.25x10 ⁵			3.15x10 ⁵	361	Clostridium paraputrificum	2.52x10 ⁵
337Anaerotignum propionicum3.15x105364Ureibacillus defluvii2.45x105338Rhodococcus hoagii3.15x105365Clostridium amylolyticum2.45x105339Chryseobacterium hominis3.15x105366Lysinibacillus sp.2.36x105340Angelakisella sp.3.15x105367Melghirimyces thermohalophilus2.36x105341Succinispira sp.3.15x105368Pajaroellobacter sp.2.36x105342Turicibacter sanguinis3.15x105369Herbinix luporum2.36x105343Dichloromethanomonas sp.3.15x105370Pseudomonas oleovorans2.36x105344Roseomonas sp.3.15x105371Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373Pantoea ananatis2.25x105	335	Symbiobacterium terraclitae	3.15x10 ⁵	362	Paenibacillus sp.	2.52x10 ⁵
338Rhodococcus hoagii3.15x105365Clostridium amylolyticum2.45x105339Chryseobacterium hominis3.15x105366Lysinibacillus sp.2.36x105340Angelakisella sp.3.15x105367Melghirimyces thermohalophilus2.36x105341Succinispira sp.3.15x105368Pajaroellobacter sp.2.36x105342Turicibacter sanguinis3.15x105369Herbinix luporum2.36x105343Dichloromethanomonas sp.3.15x105370Pseudomonas oleovorans2.36x105344Roseomonas sp.3.15x105371Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373Pantoea ananatis2.25x105	336	Microvirga lotononidis	3.15x10 ⁵	363	Tuzzerella sp.	2.52x10 ⁵
339 Chryseobacterium hominis 3.15x10 ⁵ 340 Angelakisella sp. 3.15x10 ⁵ 341 Succinispira sp. 3.15x10 ⁵ 342 Turicibacter sanguinis 3.15x10 ⁵ 343 Dichloromethanomonas sp. 3.15x10 ⁵ 344 Roseomonas sp. 3.15x10 ⁵ 345 Arthrospira platensis 3.15x10 ⁵ 346 Tepidimicrobium xylanilyticum 3.15x10 ⁵ 347 Melghirimyces thermohalophilus 2.36x10 ⁵ 368 Pajaroellobacter sp. 2.36x10 ⁵ 369 Herbinix luporum 2.36x10 ⁵ 370 Pseudomonas oleovorans 2.36x10 ⁵ 371 Herbinix hemicellulosilytica 2.36x10 ⁵ 372 Inordinaticella fortuita 2.25x10 ⁵ 373 Pantoea ananatis 2.25x10 ⁵	337	Anaerotignum propionicum	3.15x10 ⁵	364	Ureibacillus defluvii	2.45x10 ⁵
340Angelakisella sp.3.15x105367 thermohalophilusMelghirimyces thermohalophilus2.36x105341Succinispira sp.3.15x105368 368Pajaroellobacter sp.2.36x105342Turicibacter sanguinis3.15x105369 369Herbinix luporum2.36x105343Dichloromethanomonas sp.3.15x105370 370Pseudomonas oleovorans2.36x105344Roseomonas sp.3.15x105371 372Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372 372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373 373Pantoea ananatis2.25x105	338	Rhodococcus hoagii	3.15x10 ⁵	365	Clostridium amylolyticum	2.45x10 ⁵
340Angelakisella sp.3.15x105thermohalophilus2.36x105341Succinispira sp.3.15x105368Pajaroellobacter sp.2.36x105342Turicibacter sanguinis3.15x105369Herbinix luporum2.36x105343Dichloromethanomonas sp.3.15x105370Pseudomonas oleovorans2.36x105344Roseomonas sp.3.15x105371Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373Pantoea ananatis2.25x105	339	Chryseobacterium hominis	3.15x10 ⁵	366	Lysinibacillus sp.	2.36x10 ⁵
342Turicibacter sanguinis3.15x105369Herbinix luporum2.36x105343Dichloromethanomonas sp.3.15x105370Pseudomonas oleovorans2.36x105344Roseomonas sp.3.15x105371Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373Pantoea ananatis2.25x105	340	Angelakisella sp.	3.15x10 ⁵		• ,	2.36x10 ⁵
343Dichloromethanomonas sp.3.15x105370Pseudomonas oleovorans2.36x105344Roseomonas sp.3.15x105371Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373Pantoea ananatis2.25x105	341	Succinispira sp.	3.15x10 ⁵	368	Pajaroellobacter sp.	2.36x10 ⁵
344Roseomonas sp.3.15x105371Herbinix hemicellulosilytica2.36x105345Arthrospira platensis3.15x105372Inordinaticella fortuita2.25x105346Tepidimicrobium xylanilyticum3.15x105373Pantoea ananatis2.25x105	342	Turicibacter sanguinis	3.15x10 ⁵	369	Herbinix luporum	2.36x10 ⁵
345 Arthrospira platensis 3.15x10 ⁵ 372 Inordinaticella fortuita 2.25x10 ⁵ 346 Tepidimicrobium 3.15x10 ⁵ 373 Pantoea ananatis 2.25x10 ⁵	343	Dichloromethanomonas sp.	3.15x10 ⁵	370	Pseudomonas oleovorans	2.36x10 ⁵
346 Tepidimicrobium 3.15x10 ⁵ 373 Pantoea ananatis 2.25x10 ⁵	344	Roseomonas sp.	3.15x10 ⁵	371	Herbinix hemicellulosilytica	2.36x10 ⁵
xylanilyticum 3.15x10 ³ 373 Pantoea ananatis 2.25x10 ³	345	Arthrospira platensis	3.15x10 ⁵	372	Inordinaticella fortuita	2.25x10 ⁵
347 Clostridium cellulosi 3.15x10 ⁵ 374 Anaerotignum aminivorans 2.25x10 ⁵		·	3.15x10 ⁵	373	Pantoea ananatis	2.25x10 ⁵
	347	Clostridium cellulosi	3.15x10 ⁵	374	Anaerotignum aminivorans	2.25x10 ⁵







376 Bacillu				394	Bacillus borbori	1.57x10 ⁵
3/0 Bacillu	s fordii	2.20x10 ⁵		395	Risungbinella massiliensis	1.57x10 ⁵
		2.20x10 ⁵				1.57x10 ⁵
	pacillus thermotolerans	2.20X10°		396	Acinetobacter venetianus	1.5/X10°
378 Therm chromoge	ostaphylospora na	2.10x10 ⁵		397	Aneurinibacillus sp.	1.48x10 ⁵
379 Anaero	ocolumna ans	2.10x10 ⁵		398 hy	Sedimentibacter droxybenzoicus	1.35x10 ⁵
380 Entero	coccus italicus	2.10x10 ⁵		399	Cronobacter sp.	1.35x10 ⁵
381 Caldib	acillus debilis	2.10x10 ⁵		400	Compostibacillus humi	1.35x10 ⁵
382 Strepto	omyces oviridis	2.10x10 ⁵		401	Bacillus andreesenii	1.26x10 ⁵
383 Protein	niclasticum ruminis	2.10x10 ⁵		402	Romboutsia lituseburensis	1.26x10 ⁵
384 Bacillu	s licheniformis	1.97x10 ⁵		403	Bacillus subterraneus	1.26x10 ⁵
385 Paenik	pacillus residui	1.89x10 ⁵		404	Peribacillus asahii	1.22x10 ⁵
386 Actino	madura keratinilytica	1.89x10 ⁵		405	Solibacillus silvestris	1.05x10 ⁵
387 Lysinik	acillus alkaliphilus	1.84x10 ⁵		406	Exiguobacterium sp.	1.05x10 ⁵
388 Rumm	eliibacillus pycnus	1.84x10 ⁵		407	Desulfosporosinus ripigmenti	1.05x10 ⁵
389 Ocean	obacillus caeni	1.80x10 ⁵		408	Paenibacillus lactis	9.44x10 ⁴
390 Fictiba	cillus nanhaiensis	1.80x10 ⁵		409	Bacillus anthracis	8.58x10 ⁴
391 Bacillu	s megaterium	1.69x10 ⁵	ľ			
392 Entero	coccus sp.	1.57x10 ⁵				
393 Lactob	acillus nagelii	1.57x10 ⁵	·			

Especies pertenecientes a un género presente en la lista de microorganismos aprobados por el CDFA

Especies en la lista de microorganismos aprobados por el CDFA.

CDFA: Departamento de Alimentos y Agricultura de California.







CUANTIFICACIÓN DE HONGOS

La secuenciación Next-Gen en combinación con la adición de una cantidad conocida de adición permite el conocimiento de la carga microbiana total en una muestra. El presente análisis se basa en la aplicación de una adición de nuestra secuencia de ADN patentada sintética en cantidades conocidas en muestras crudas. Después de la secuenciación y el procesamiento de datos, la abundancia relativa de la adición exógena nos permite extrapolar la cantidad absoluta original de las copias ITS de la especie de muestra.

NOTA: No se puede proporcionar el número de células para hongos debido a muchos factores, incluido un conocimiento muy limitado de las copias de ITS por genoma, las variaciones de ploidía, la pluricelularidad, etc. Los resultados se expresan en "copias de ITS por gramo" o "copias de ITS por mililitro", dependiendo de que la muestra sea sólida o líquida.

Tabla 2. Abundancia relativa de hongos.

Género y especie	Porcentaje	Copias
1 Candida tropicalis	42.91%	255,600
2 Aspergillus fumigatus	13.39%	79,738
3 Mortierella sp.	4.16%	24,800
4 Thermomyces lanuginosus	4.00%	23,831
5 Mortierella gamsii	2.49%	14,831
6 Malbranchea cinnamomea	1.94%	11,550
7 Mortierella minutissima	1.52%	9,056
8 Penicillium melinii	1.50%	8,944
9 Talaromyces marne4ei	1.48%	8,812
10 Alternaria eichhorniae	0.9516%	5,669
11 Talaromyces columbinus	0.9020%	5,375
12 Penicillium levitum	0.8704%	5,188



Tel. (844) 488 26 27 Email. biorganix@biorganix.com.mx





13 Phallus rugulosus	0.8614%	5,131
14 Penicillium sp.	0.7080%	4,219
15 Exophiala sp.	0.7080%	4,219
16 Pichia kudriavzevii	0.6088%	3,625
17 Papiliotrema laurentii	0.5908%	3,519
18 Mortierella rishikesha	0.5051%	3,006
19 Talaromyces sp.	0.4780%	2,850
20 Chrysosporium merdarium	0.4555%	2,712
21 Aspergillus versicolor	0.4465%	2,662
22 Mortierella alpina	0.4374%	2,606
23 Kluyveromyces marxianus	0.4284%	2,550
24 Mortierella antarctica	0.4194%	2,500
25 Pseudogymnoascus roseus	0.4194%	2,500
26 Aspergillus terreus	0.4104%	2,444
27 Penicillium pimiteouiense	0.4104%	2,444
28 Tricellula aurantiaca	0.3878%	2,312
29 Mortierella hyalina	0.3743%	2,231
30 Mycothermus thermophilus	0.3698%	2,200
31 Mrakia sp.	0.3653%	2,175
32 Mortierella sarnyensis	0.3518%	2,094
33 Kazachstania humilis	0.3427%	2,044
34 Hymenoscyphus varicosporoides	0.3382%	2,012







35 Aspergillus caninus	0.3067%	1,825
36 Eustigmatos sp.	0.3022%	1,800
37 Solicoccozyma terrea	0.2886%	1,719
38 Chrysosporium lobatum	0.2706%	1,612
39 Mortierella exigua	0.2616%	1,556
40 Panaeolus papilionaceus	0.2525%	1,506
41 Plectosphaerella cucumerina	0.2525%	1,506
42 Talaromyces purpureogenus	0.2480%	1,475
43 Aspergillus rugulosus	0.2435%	1,450
44 Thermomyces sp.	0.2435%	1,450
45 Scedosporium boydii	0.2435%	1,450
46 Trichoderma hamatum	0.2435%	1,450
47 Staphylotrichum coccosporum	0.2165%	1,288
48 Alternaria macrospora	0.2120%	1,262
49 Trichurus spiralis	0.2075%	1,238
50 Curvularia americana	0.2029%	1,206
51 Penicillium christenseniae	0.2029%	1,206
52 Saccharomyces cerevisiae	0.2029%	1,206
53 Tetracladium sp.	0.1894%	1,131
54 Apiotrichum sp.	0.1894%	1,131
55 Thermomyces dupontii	0.1849%	1,100
56 Pholiotina cyanopus	0.1804%	1,075





57 Saitozyma podzolica	0.1759%	1,050
58 Trichosporiella cerebriformis	0.1669%	994
59 Kernia sp.	0.1669%	994
60 Metarhizium sp.	0.1669%	994
61 Aspergillus chlamydosporus	0.1624%	969
62 Cladosporium herbarum	0.1624%	969
63 Metarhizium anisopliae	0.1578%	938
64 Helicoma sp.	0.1578%	938
65 Rhizopus oryzae	0.1578%	938
66 Clonostachys rosea	0.1533%	912
67 Peziza sp.	0.1533%	912
68 Byssochlamys lagunculariae	0.1488%	888
69 Talaromyces stollii	0.1488%	888
70 Vishniacozyma carnescens	0.1488%	888
71 Athelia arachnoidea	0.1443%	862
72 Cyberlindnera sargentensis	0.1443%	862
73 Papiliotrema aurea	0.1398%	831
74 Fusarium sp.	0.1398%	831
75 Remersonia thermophila	0.1353%	806
76 Lycoperdon sp.	0.1353%	806
77 Oidiodendron cereale	0.1353%	806
78 Naganishia friedmannii	0.1353%	806







79 Peziza buxea	0.1308%	781
80 Acremonium persicinum	0.1308%	781
81 Chaetomium thermophilum	0.1263%	750
82 Aspergillus subversicolor	0.1263%	750
83 Beauveria sp.	0.1263%	750
84 Psathyrella sp.	0.1263%	750
85 Acremonium flavum	0.1263%	750
86 Pochonia chlamydosporia	0.1218%	725
87 Articulospora sp.	0.1218%	725
88 Penicillium parviverrucosum	0.1218%	725
89 Arachnomyces pilosus	0.1218%	725
90 Tetracladium furcatum	0.1218%	725
91 Aspergillus quadricinctus	0.1173%	700
92 Alternaria longissima	0.1173%	700
93 Penicillium capsulatum	0.1127%	669
94 Calcarisporiella sp.	0.1127%	669
95 Occultifur sp.	0.1082%	644
96 Cadophora gregata	0.1082%	644
97 Aspergillus flavipes	0.1082%	644
98 Scedosporium dehoogii	0.1082%	644
99 Neosulcatispora strelitziae	0.1037%	619
100 Lyomyces erastii	0.1037%	619







101	Hormonema viticola	0.0992%	594
102	Madurella sp.	0.0992%	594
103	Vishniacozyma victoriae	0.0992%	594
104	Aspergillus flavus	0.0992%	594
105	Mortierella amoeboidea	0.0947%	562
106	Apodus deciduus	0.0902%	538
107	Mortierella pseudozygospora	0.0857%	512
108	Didymella exigua	0.0857%	512
109	Penicillium canariense	0.0857%	512
110	Alternaria metachromatica	0.0857%	512
111	Podospora sp.	0.0812%	481
112	Chloridium aseptatum	0.0812%	481
113	Phoma sp.	0.0812%	481
114	Leptodontidium camptobactrum	0.0812%	481
115	Mollisia sp.	0.0812%	481
116	Epicoccum thailandicum	0.0767%	456
117	Rhodotorula mucilaginosa	0.0722%	431
118	Mrakia frigida	0.0676%	400
119	Penicillium pinophilum	0.0676%	400
120	Penicillium roseopurpureum	0.0631%	375
121	Gibellulopsis serrae	0.0631%	375
122	Coprinellus verrucispermus	0.0631%	375



Tel.





UNI	A I V/		
123	Metapochonia suchlasporia	0.0631%	375
124	Penicillium daleae	0.0586%	350
125	Penicillium aurantiogriseum	0.0586%	350
126	Solicoccozyma aeria	0.0586%	350
127	Mortierella ambigua	0.0586%	350
128	Aspergillus niger	0.0541%	325
129	Fusicolla aquaeductuum	0.0496%	294
130	Mortierella sclerotiella	0.0496%	294
131	Trichomonascus ciferrii	0.0451%	269
132	Penicillium raistrickii	0.0451%	269
133	Microascus verrucosus	0.0451%	269

Especies en la lista de microorganismos aprobados por el CDFA.

Especies pertenecientes a un género presente en la lista de microorganismos aprobados por el CDFA

CDFA: Departamento de Alimentos y Agricultura de California.

Atentamente



BIORGANIX MEXICANA, S. A. DE C. V. R.F.C. 8ME 040112-V96

AIERA NO. 240 COL. PARQUE INDUSTRIAL TEL. 488 26 27 / 488 52 11 C. P. 25903 RAMOS ARIZPE, COAHUILA.

Dra. Angélica Velázquez Arellano Coordinador de I+D

Página 22 de 22



(844) 488 26 27 Email. biorganix@biorganix.com.mx