

ZÁPADOČESKÁ UNIVERZITA V PLZNI

FAKULTA PEDAGOGICKÁ

KATEDRA BIOLOGIE, GEOVĚD A ENVIGOGIKY

**SCREENING MIKROORGANISMŮ A PATOGENŮ NA
VYBRANÉM HISTORICKÉM POHŘEBIŠTI**

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

EVA ZICHOVÁ

Biologie se zaměřením na vzdělávání

Vedoucí práce: Mgr. Jaroslav Pavelka, Ph.D.

Plzeň 2021

Prohlašuji, že jsem bakalářskou práci vypracovala samostatně s použitím uvedené literatury a zdrojů informací.

Plzeň, 26. 7. 2021

.....

vlastnoruční podpis

PODĚKOVÁNÍ

Chtěla bych poděkovat svému vedoucímu práce, Mgr. Jaroslavu Pavelkovi, Ph.D. za jeho odborné rady, vstřícnost a pochopení, dále za poskytnutí dat a pomoc při jejich následném zpracování, a v neposlední řadě za jeho celkové vedení práce.

Nakonec bych chtěla poděkovat své rodině a přátelům za pochopení a podporu během celého mého studia a při psaní této práce.

OBSAH

1	ÚVOD.....	1
2	TEORETICKÁ ČÁST	3
2.1	POLYMERÁZOVÁ ŘETĚZOVÁ REAKCE (PCR)	3
2.1.1	Proces PCR.....	3
2.1.2	Výhody a nevýhody PCR.....	4
2.2	METAGENOMIKA.....	4
2.3	SEKVENOVÁNÍ NOVÉ GENERACE.....	5
2.4	ILLUMINA.....	6
2.4.1	Proces Illumina	8
2.5	MIKROORGANISMY	11
2.5.1	Bakterie	11
2.6	PATOGENY	14
2.6.1	Patogenní bakterie	14
2.7	PŮDA JAKO STANOVIŠTĚ MIKROORGANISMŮ A PATOGENŮ	14
2.7.1	Bakterie v půdě.....	16
2.8	MIKROBIOM LIDSKÉHO TĚLA	17
2.9	POSMRTNÉ MIKROBIÁLNÍ ZMĚNY.....	18
2.9.1	Thanatobiom a Epinecrotic mikrobiom.....	20
3	MATERIÁL A METODY.....	22
3.1	LOKALITY.....	22
3.1.1	Hostivice.....	22
3.1.2	Semonice.....	25
3.2	STÁŘÍ VYBRANÝCH POHŘEBIŠŤ	27
3.2.1	Hostivice.....	27
3.2.2	Semonice.....	27
3.3	ODBĚR VZORKŮ	27
3.4	ZPRACOVÁNÍ VZORKŮ	27
3.4.1	Přístroj.....	27
3.4.2	Software.....	27
3.5	IZOLACE DNA.....	27
3.6	ILLUMINA.....	29

4	VÝSLEDKY.....	30
4.1	PŘEHLED NEJVÍCE ZASTOUPENÝCH RODŮ U JEDNOTLIVÝCH VZORKŮ	30
4.1.1	První vzorek	30
4.1.2	Druhý vzorek	32
4.1.3	Třetí vzorek.....	33
4.1.4	Čtvrtý vzorek	35
4.1.5	Pátý vzorek	36
5	DISKUSE.....	41
6	ZÁVĚR	49
7	RESUMÉ.....	51
8	SUMMARY	52
9	LITERATURA	53
10	INTERNETOVÉ ZDROJE.....	68
11	SEZNAM OBRÁZKŮ	69
12	SEZNAM TABULEK.....	70
13	SEZNAM PŘÍLOH.....	70
13.1	SEZNAM OBRÁZKŮ V PŘÍLOZE.....	70
13.2	SEZNAM TABULEK V PŘÍLOZE.....	71
14	PŘÍLOHY	I

1 ÚVOD

Předkládaná práce se zabývá metagenomickým sekvenováním bakterií. Technologie sekvenování nové generace (NGS) způsobila revoluci v genomickém a genetickém výzkumu a umožnila studovat biologické systémy na úrovni, která do té doby nebyla možná (Illumina, Inc. 2017). Tempo změn v této oblasti je rychlé a v roce 2011 byla vydána nová platforma pro sekvenování, Illumina MiSeq (Quail et al. 2012). Společnost Illumina dokázala výrazně snížit náklady na sekvenování, což umožnilo nebývalý vědecký pokrok a ovlivnilo tak i téměř všechny aspekty lidského zdraví. Obrovský progres byl zaznamenán v oblasti genetických onemocnění, populační genetiky a základní buněčné a molekulární biologie pro klinické aplikace, jako je reprodukční zdraví, onkologické testování nebo testování infekčních nemocí (Preston et al. 2021).

Sekvenování nové generace ale našlo své uplatnění i mimo lékařství. Dává nám možnost lépe poznat vztahy v přírodě. Abychom těmto vztahům byli v budoucnu schopni plně porozumět, je nutno nejprve poznat, kde se dané organismy v přírodě vyskytují a jakou v daném společenství plní funkci. Tato práce se podrobněji věnuje nejrozšířenějším organismům na Zemi, bakteriím. Prostředím, které je v přírodě nejvíce osídleno bakteriemi, je půda (Rosypal 1994). Právě v ní vytvářejí bakterie přirozená společenstva (Bičík et al. 2009). Dle Kutílka (2012) nalezneme v České republice na jednom čtverečním metru půdy asi sto bilionů (10^{14}) bakterií, v některých případech i stokrát víc. Bakterie nejsou bohaté pouze početně, ale i druhově. V půdě plní spoustu důležitých funkcí, ať už mluvíme o jejich vztahu k vodnímu režimu, koloběhu prvků v přírodě nebo o schopnosti potlačit choroby rostlin (Bičík et al. 2009).

Odhaduje se, že více než 99 % bakterií je nekultivovatelných (Amann et al. 1995). Metagenomika, jakožto na kultuře nezávislá genomická analýza mikrobiálních kolonií, (Rondon et al. 2000) umožňuje odhalit obrovskou genovou diverzitu v mikrobiálním světě kolem nás (Thomas et al. 2012) a účinně řeší problém studia prokaryot v prostředí, které je dosud nekultivovatelné (Amann et al. 1995). Díky metagenomice jsme byli schopni zmapovat všechny už známé druhy v daném vzorku z vybrané lokality.

Pro tuto práci byla vybrána dvě historická pohřebiště, první pohřebiště v Hostivici, datované do druhé poloviny šestnáctého, až první poloviny sedmnáctého století (Průchová et al. 2011; Mudra et al. 2012), a druhé Semonické pohřebiště z druhé poloviny osmnáctého století, na kterých byl proveden screening bakteriálních genomů. Pohřebiště jsou bezesporu

důležitým zdrojem půdních bakterií, které představují největší část získaných dat, vyskytují se zde i patogenní druhy, které jsou v této práci také mapovány.

Pro práci s DNA se v současné době používají tzv. „kity“, což jsou připravené soupravy s potřebnými komponentami pro danou metodiku. Kit (souprava) umožňuje přípravu knihovny pro sekvenování nové generace (NGS). Dává možnost generovat knihovny vhodné pro aplikace bez PCR, PCR-amplifikované a cílené sekvenování na platformách Illumina (Illumina, Inc. 2017). Před samotným začátkem přípravy knihovny je třeba zvolit vhodně zaměřený kit, který umožní knihovnu zhotovit. Pro tuto práci byl zvolen kit umožňující screening bakterií. Z tohoto důvodu se tato práce podrobně zabývá právě jimi.

Tato práce si vytkla za cíl pokusit se roztřídit a kvantifikovat půdní bakterie nalezené na historických pohřebištích v Hostivici a Semonicích. Tím vzniká i přesah pro pedologii a zemědělství.

V teoretické části bych se ráda zaměřila na použité metody a popsala jejich princip.

2 TEORETICKÁ ČÁST

2.1 POLYMERÁZOVÁ ŘETĚZOVÁ REAKCE (PCR)

Příchod polymerázové řetězové reakce (PCR) radikálně transformoval biologickou vědu, jelikož poprvé umožnil specifickou detekci a produkci velkého množství DNA (Mullis 1990). Tato technika je v současné době široce používána klinickými a výzkumnými pracovníky k diagnostice nemocí, klonování a sekvenování genů, provádění sofistikovaných kvantitativních a genomických studií rychlým a velmi citlivým způsobem. Jednou z nejdůležitějších lékařských aplikací klasické metody PCR je detekce patogenů. Kromě toho se test PCR používá ve forenzní medicíně k identifikaci zločinců (Garibyan a Avashia 2013).

PCR je jednoduchý, ale elegantní, enzymatický test, který umožňuje amplifikaci specifického fragmentu DNA ze složité DNA. Doktor Kary Mullis, který objevil test PCR, uvedl, že „vám umožní vybrat si část DNA, která vás zajímá, a mít ji tolik, kolik chcete“ (Mullis 1990). PCR lze provést pomocí zdrojové DNA z různých tkání a organismů, včetně krve, kůže, vlasů, slin a mikrobů. K získání dostatečného množství kopií pro analýzu pomocí konvenčních laboratorních metod je pro PCR zapotřebí pouze stopové množství DNA. Z tohoto důvodu je PCR citlivý test (Garibyan a Avashia 2013).

2.1.1 Proces PCR

Každý test PCR vyžaduje přítomnost templátové DNA, primerů, nukleotidů a DNA polymerázy. DNA polymeráza je klíčový enzym, který spojuje jednotlivé nukleotidy dohromady za vzniku produktu PCR. Nukleotidy zahrnují čtyři báze - adenin, thymin, cytosin a guanin (A, T, C, G) - které se nacházejí v DNA. Fungují jako stavební kameny, které DNA polymeráza používá k vytvoření výsledného produktu PCR. Primery v reakci specifikují přesný produkt DNA, který má být amplifikován. Primery jsou krátké fragmenty DNA s definovanou sekvencí komplementární k cílové DNA, která má být detekována a amplifikována. Ty slouží jako prodloužení, na kterém může DNA polymeráza stavět (Garibyan a Avashia 2013).

Jak uvádí Garibyan a Avashia (2013), výše uvedené komponenty jsou smíchány ve zkumavce a poté umístěny do zařízení, které umožňuje opakované cykly amplifikace DNA ve třech základních krocích. Stroj je v podstatě tepelný cyklovač. Má tepelný blok s otvory, do kterých jsou vloženy zkumavky nebo destičky obsahující PCR reakční směs. Stroj zvyšuje a snižuje teplotu bloku v diskretních, přesných a předprogramovaných krocích (Weier a Gray 1988). Reakční roztok se nejprve zahřeje nad teplotu tání dvou komplementárních řetězců

DNA cílové DNA, což umožňuje oddělením řetězců. Tento proces se nazývá denaturace. Teplota se poté sníží, aby se specifické primery mohly vázat na cílové segmenty DNA, což je proces známý jako hybridizace. K hybridizaci mezi primery a cílovou DNA dochází pouze v případech, že jsou komplementární v sekvenci (např. Vazba A na G). Teplota se opět zvýší, polymeráza DNA je schopna prodloužit primery přidáním nukleotidů k vyvíjejícímu se řetězci DNA. S každým opakováním těchto tří kroků se počet kopírovaných molekul DNA zdvojnásobí (Garibyan a Avashia 2013).

2.1.2 Výhody a nevýhody PCR

PCR má několik výhod. Zprvė disponuje jednoduchou a snadno pochopitelnou technikou, která rychle přináší výsledky (Bologna et al. 2008). Jedná se o vysoce citlivou techniku s potenciálem produkovat miliony až miliardy kopií konkrétního produktu pro sekvenování, klonování a analýzu (Garibyan a Avashia 2013).

Ačkoli je PCR cenná technika, má svá omezení. Protože PCR je vysoce citlivá technika, může jakákoli forma kontaminace vzorku i stopovým množstvím DNA vést k zavádějícím výsledkům (Bologna et al. 2008; Smith a Osborn 2009). Kromě toho, aby bylo možné navrhnout primery pro PCR, jsou zapotřebí některá předchozí data sekvence. PCR lze proto použít pouze k identifikaci přítomnosti nebo nepřítomnosti známého patogenu nebo genu. Dalším omezením je to, že primery použité pro PCR mohou hybridizovat nespecificky se sekvencemi, které jsou podobné, ale nejsou úplně identické s cílovou DNA. Kromě toho mohou být nesprávné nukleotidy inkorporovány do sekvence PCR DNA polymerázou, i když velmi nízkou rychlostí (Garibyan a Avashia 2013).

2.2 METAGENOMIKA

Metagenomikou rozumíme na kultuře nezávislou genomickou analýzu mikrobiálních kolonií. Termín je odvozen od statistické koncepce metaanalýzy, což je proces statistického kombinování samostatných analýz, a genomiky, která zajišťuje komplexní analýzu genetického materiálu (Rondon et al. 2000).

Zpočátku se studie zabývaly klonováním environmentální DNA. Následoval screening funkční exprese, který byl doplněn přímým, náhodným sekvenováním environmentální DNA. Díky těmto počátečním projektům byl podán důkaz principu metagenomického přístupu. Mimo jiné se podařilo odhalit obrovskou funkční genovou diverzitu v mikrobiálním světě kolem nás (Thomas et al. 2012). Amann et al. (1995) poukazují ve své práci na fakt, že právě metagenomika řeší problém studia prokaryot v prostředí, které je dosud nekultivovatelné. Nekultivovatelných je podle odhadu více než 99 % bakterií (Amann et al. 1995). Dle

Thomase et al. (2012) lze proto příchod a rozvoj metagenomiky považovat za jednu z nejpozoruhodnějších událostí v oblasti mikrobiální ekologie za poslední desetiletí.

Schloss a Handelsman (2003) uvádí, že tento přístup staví na nedávném pokroku v mikrobiální genomice a v amplifikaci a klonování genů, které sdílejí sekvenční podobnost přímo ze vzorků prostředí, v polymerázové řetězové reakci (PCR). Zatímco amplifikace PCR vyžaduje předchozí znalost sekvence genu, aby bylo možné navrhnout primery pro amplifikaci, přímá extrakce a klonování DNA pro genomiku může teoreticky přistupovat ke genům jakékoli sekvence nebo funkce. Přímé genomové klonování nabízí příležitost zachytit operony nebo geny kódující dráhy, které mohou řídit syntézu komplexních molekul, jako jsou antibiotika. Lze také získat informace o sekvencích, a o genech sousedících s genem zvláštního zájmu, což potenciálně poskytuje vhled do genomického prostředí genu nebo fylogenetické příslušnosti organismu, ze kterého byl odvozen.

Metagenomická analýza umožňuje přístup k funkčnímu složení genu mikrobiálních kolonií. Dále také poskytuje genetické informace o potenciálně nových biokatalyzátorech nebo enzymech, o genomových vazbách mezi funkcí a fylogenetickým vývojem u nekultivovatelných organismů a o evolučních profilech funkce a struktury kolonie (Thomas et al. 2012).

2.3 SEKVENOVÁNÍ NOVÉ GENERACE

Sekvenování nové generace (Next-generation sequencing, NGS) je masivní, paralelní technologie sekvenování, která nabízí velmi vysokou propustnost, škálovatelnost a rychlost. Tato technologie se používá k určení pořadí nukleotidů v celých genomech nebo cílených oblastech DNA či RNA. Sekvenování nové generace způsobilo revoluci v biologických vědách a umožnilo laboratořím provádět širokou škálu aplikací a studovat biologické systémy na úrovni, která do té doby nebyla možná. Dnešní složité otázky genomiky vyžadují hloubku informací přesahující kapacitu tradičních technologií sekvenování DNA. Sekvenování nové generace tuto mezeru zaplnilo a stalo se každodenním nástrojem umožňujícím řešení těchto otázek (Illumina, Inc. 2017).

Sekvenování DNA urazilo od roku 1970, kdy se užívala dvourozměrná chromatografie, dlouhou cestu. Příchod Sangerovi metody ukončení řetězce, v roce 1977, umožnil sekvenovat DNA spolehlivým a reprodukovatelným způsobem. O deset let později společnost Applied Biosystems představila první automatizovanou kapilární elektroforézu (capillary electrophoresis, CE) na bázi sekvenčních nástrojů, AB370 v roce 1987, a AB3730xl v roce 1998. Právě tyto nástroje prokázaly svou důležitost u projektů studujících lidský

genom. Ve své době měly tyto nástroje „první generace“ vysokou propustnost, nicméně roku 2005 se objevil analyzátor genomu, který byl schopen zvládnout místo 84 kilobází (kb) na jeden sekvenční běh až 1 gigabázi (Gb) na běh. Roku 2014 se frekvence vyšplhala na 1,8 terabázi (Tb) dat v jednom sekvenčním běhu, což je tisícinásobný nárůst. Zajímavé je, že první lidský genom, publikovaný v časopise Science and Nature v roce 2001, vyžadoval 15 let sekvenování a cena se vyšplhala téměř k hodnotě tří miliard dolarů. Naproti tomu systém HiSeq X® Ten, z roku 2014, může sekvenovat více než 45 lidských genomů v jeden jediný den, každý přibližně za tisíc dolarů (Illumina, Inc. 2017).

Kromě masivního nárůstu datového výstupu změnilo zavedení technologie sekvenování nové generace způsob, jakým nyní uvažujeme o genetické informaci. Naskýtá se nám možnost sekvenování v populačním měřítku a vytváří se základ pro personalizovanou genomovou medicínu, která bude součástí standardní lékařské péče (Illumina, Inc. 2017). Sekvenování nové generace společnosti Illumina pomohla odstartovat revoluci ve výzkumu genomiky a má široké uplatnění v oblastech, jako jsou infekční nemoci, onkologie, genetické choroby, zemědělství, a v prostředích, jako jsou kliniky, nemocnice, výzkumné laboratoře a vládní agentury (Preston et al. 2021).

Koncept technologie sekvenování nové generace je u většiny současných metod v zásadě podobný sekvenování kapilární elektroforézou. DNA polymeráza katalyzuje začlenění fluorescenčně značené deoxyribonukleotid trifosfáty (dNTP) do řetězce DNA templátu během sekvenčních cyklů syntézy DNA. Během každého cyklu, jsou v místě začlenění identifikovány excitací fluoroforů nukleotidy. Rozhodujícím rozdílem je, že místo sekvenování jednoho fragmentu DNA, rozloží sekvenování nové generace tento proces na miliony fragmentů. Více než 90 % světových dat o sekvenování je generováno sekvenováním Illumina (Illumina, Inc. 2017). Ale existují i metody sekvenování založené na fyzikálních vlastnostech nukleotidů, bez jakéhokoliv množení pomocí PCR. Je to zejména Oxford Nanopore (Lu et al. 2016).

2.4 ILLUMINA

Technologie sekvenování nové generace (NGS) způsobila revoluci v genomickém a genetickém výzkumu. Tempo změn v této oblasti je rychlé a v roce 2011 byly vydány tři hlavní nové platformy pro sekvenování: PGM od Ion Torrent, RS od Pacific Biosciences a Illumina MiSeq (Quail et al. 2012).

Illumina je společnost založená v roce 1998 zabývající se technologií aplikované genomiky. Během posledních dvou desetiletí vyvinula společnost Illumina vysoce kvalitní a

inovativní technologie, které se používají při výzkumu nemocí, vývoji léků a rozvíjení molekulárních testů. Společnost působí ve sto patnácti zemích a nadále se snaží, aby řešení, která nabízí, byla jednoduchá, škálovatelná a v oblasti biologických věd co nejpřístupnější (Preston et al. 2021).

Výzkum společnosti Illumina se zaměřuje na vývoj technologických nástrojů, které umožní výzkumným pracovníkům pokračovat ve vědeckém pokroku v oblasti genetických onemocnění, běžných genetických poruch, populační genetiky a základní buněčné a molekulární biologie pro klinické aplikace, jako je reprodukční zdraví, onkologické testování, testování infekčních nemocí a dohled nad nimi (Preston et al. 2021). Sekvenování genomu podpořilo objev genů spojených s chorobami a identifikaci nových variant vázaných na fenotypy. Komplexní průzkum DNA umožnil vytvořit mapy variací genů souvisejících se zdravím, chorobami a odezvou na léky, také poskytl příležitost pro vybudování důležité databáze a umožnil katalogizovat významné odchylky pro budoucí aplikace (Preston et al. 2021).

Sekvenční platforma Illumina (dříve známá jako Solexa) je založena na metodě cyklického reverzibilního ukončení (Bentley et al. 2008). Knihovny DNA připravené náhodnou fragmentací a spojené s adaptéry jsou imobilizovány na pevném povrchu zvaném „flowcell“, tedy reakční komůrky. Reakční komůrky se skládají z osmi kanálů neboli pruhů, které jsou hustě pokryty „trávníkem“ kovalentně vázaných primerů doplňujících 5' a 3' adaptéry. Každá dráha může být načtena se samostatnou knihovnou, buď vytvořenou z jediného vzorku, nebo častěji u bakterií, multiplexovanou knihovnou obsahující až 96 knihoven označených indexem. Fragmenty DNA ligují k primerům na průtokové buňce, kde jsou amplifikovány in situ procesem PCR na pevné fázi, známé také jako můstková amplifikace, která vytváří identické kopie každé jednotlivé templátové molekuly v těsné blízkosti (Harris a Okoro 2014). Tento proces může produkovat až 10 milionů klastrů na bázi jedné molekuly v každém kanálu reakční komůrky (Mardis 2008; Shendure a Ji 2008), přičemž všechny jsou následně sekvenovány současně (Harris a Okoro 2014).

Společnost Illumina dokázala výrazně snížit náklady na sekvenování, což umožnilo nebývalý vědecký pokrok a ovlivnilo tak i téměř všechny aspekty lidského zdraví (Preston et al. 2021). Poskytovatelé zdravotní péče jsou nyní schopni nabídnout sekvenování celého genomu velkému množství pacientů za dostupnou cenu. Laboratoře jakékoli velikosti zavádějí způsoby, jak častěji zjednodušit a stabilizovat pracovní postupy pro sekvenci genomu (Preston et al. 2021).

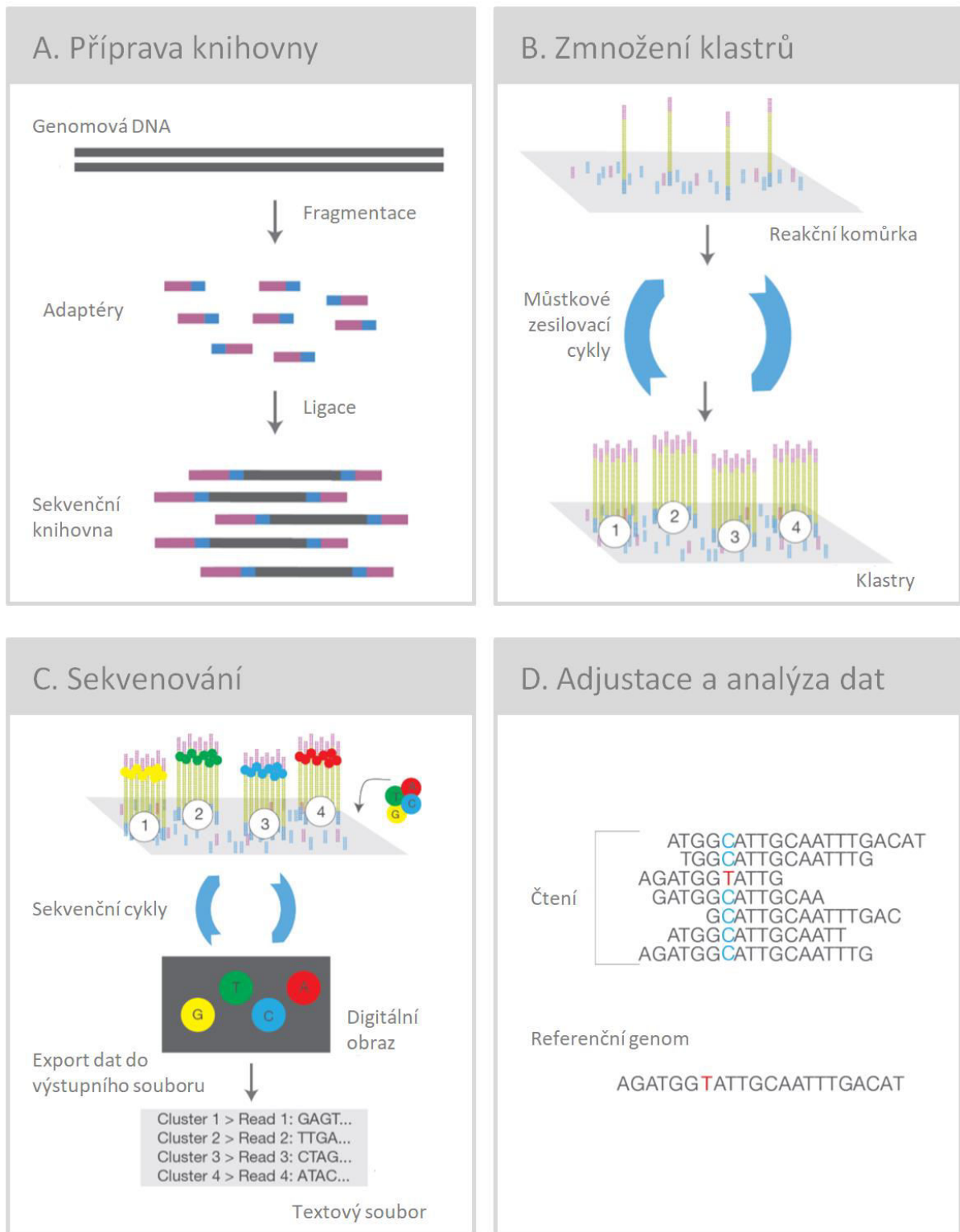
2.4.1 Proces Illumina

Pracovní postupy sekvenování nové generace Illumina zahrnují čtyři základní kroky (Illumina, Inc. 2017). Jejich teoretický a podrobnější popis dle Illumina, Inc. (2017), Ansorga (2009) a Mardise (2008) následuje níže.

1. Příprava knihovny. Sekvenční knihovna je připravena náhodnou fragmentací vzorku DNA nebo cDNA. Fragmentace kombinuje fragmentační a ligační reakce do jediného kroku, který výrazně zvyšuje efektivitu procesu přípravy knihovny. Dochází k fragmentaci DNA na úseky, které mají velikost 200 bp, tedy 200 komplementárních párů bází, dále dojde k zarovnání konců chromosomů, k jejich fosforylaci a následně jsou chromosomy na 3' konci adenylovány. Na každý z konců je upevněn jeden ze dvou typů adaptéru. Na konci tohoto procesu tedy každý fragment nese jeden adaptér na jednom konci a na druhém druhý adaptér.
2. Zmnožení klastrů. Fragmenty, na kterých jsou již napojeny adaptéry, jsou denaturovány. Takto vzniklé jednořetězcové molekuly, jsou připojeny k oligonukleotidům, které jsou ukotveny na povrchu reakční komůrky. Tyto oligonukleotidy jsou komplementární s adaptéry a v následných krocích budou sloužit jako primery. Volný konec imobilizované molekuly DNA je následně za vzniku jednořetězcového můstku navázán ke komplementárnímu oligonukleotidu. Dále dochází k přidání reagentů nezbytných pro PCR amplifikaci. Následuje extenze oligonukleotidů. Dochází k ní podle navázané, templátové DNA imobilizovaných fragmentů. Poté se vytváří dvouřetězcový můstek. Následně dojde k denaturaci dvouřetězcových molekul DNA na molekuly jednořetězcové. Po odmytí původních templátových molekul zůstane navázáno na povrchu reakční komůrky jen nově syntetizované vlákno. Následuje annealing, krok probíhající při vysoké teplotě, při kterém se za vzniku jednořetězcového můstku, naváže volný konec imobilizované molekuly DNA k jednomu ze sousedních komplementárních oligonukleotidů. Při následné amplifikaci je oligonukleotid prodloužen a dochází k vytvoření dvouřetězcového můstku. Takto vytvořené dvouřetězcové molekuly jsou pomocí denaturace změněny na molekuly jednořetězcové, které volným koncem přisedají k oligonukleotidům. Celý tento proces je cyklicky opakován. Amplifikace je realizována ve skupinách na destičce sousedících molekul, v

takzvaných klastrech. Díky jednotlivým klastrům destičky jsou produkovány identické molekuly DNA. Po dokončení generování klastru jsou šablony připraveny k sekvenování.

3. Sekvenování. Technologie Illumina SBS používá proprietární reverzibilní metodu založenou na postupném přidávání jednotlivých nukleotidů odlišně označených různými fluorochromy. Jakmile jsou jednotlivé báze inkorporovány do templátových řetězců DNA, jsou detekovány pomocí fluorochromů. Nukleotidy jsou inkorporovány po jednom za cyklus. Fluorochrom a terminační značka jsou vždy před inkorporací dalšího nukleotidu odstraněny. Minimalizuje se tak zkreslení a možnost vzniku hrubé chyby je tak ve srovnání s jinými technologiemi zanedbatelná. Výsledkem je vysoce přesné sekvenování po bázích.
4. Analýza dat. Během analýzy dat se nově identifikované čtení sekvence zarovnají s odkazem genomu. Následuje jejich seřazení a identifikace rozdílů v sekvenci. Výsledná data mají velkou řadu dalších využití.



Obr. 1. Pracovní postupy sekvenování nové generace Illumina. Převzato a upraveno z Illumina, Inc. (2017).

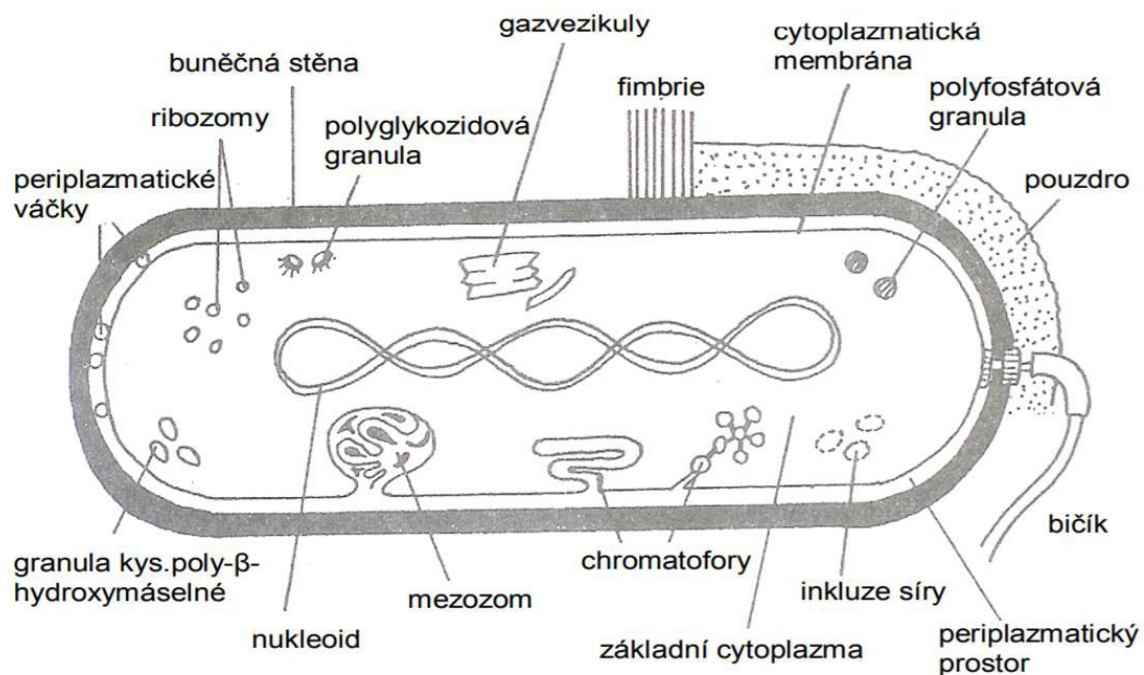
2.5 MIKROORGANISMY

Němec a Matoulková (2015) ve své knize definuje mikroorganismy jako jednobuněčná individua, způsobilá samostatně existovat a rozmnožovat se. Do této skupiny patří prokaryotické organismy, které nemají morfologicky diferencované jádro, tedy cyanobakterie, bakterie a Archaea. Dále pak i eukaryotické organismy s diferencovaným jádrem, konkrétně prvoci, zelené řasy a houby. Někdy se setkáme se zařazením virů pod mikroorganismy, viry však nejsou schopny autoreprodukce, tedy nesplňují základní podmínku organismu (Němec a Matoulková 2015).

Ve své práci se dále budu podrobněji zabývat bakteriemi, které patří pod mikroorganismy.

2.5.1 Bakterie

Schindler (2014) uvádí, že nejstaršími organismy na Zemi jsou bakterie. Odhaduje se, že na Zemi žije něco mezi 300 000 a jedním milionem druhů bakterií, nalezeno a popsáno je ale zatím pouze kolem tří tisíc druhů (Schindler 2014).



Obr. 2. Schéma bakteriální buňky. Převzato z Němce a Matoulkové (2015).

2.5.1.1 Struktura bakteriální buňky

Dle Němce a Matoulkové (2015) lze strukturu bakteriální buňky rozdělit do dvou skupin. V první skupině nalezneme struktury esenciální, ve druhé potom struktury obvyklé.

1. Struktury esenciální, tedy struktury vyskytující se obecně u bakterií. Do této skupiny patří cytoplazmatická membrána, nukleoid, cytoplazma a ribozomy.
2. Struktury obvyklé, tedy struktury vyskytující se jen u některých skupin bakterií. Sem patří pouzdro a bičíky bakterií, fimbrie, chromatofory, mezozomy, chlorobiové váčky, inkluze a v neposlední řadě endospory (Němec a Matoulková 2015).

2.5.1.2 Tvary a uspořádání bakteriálních buněk

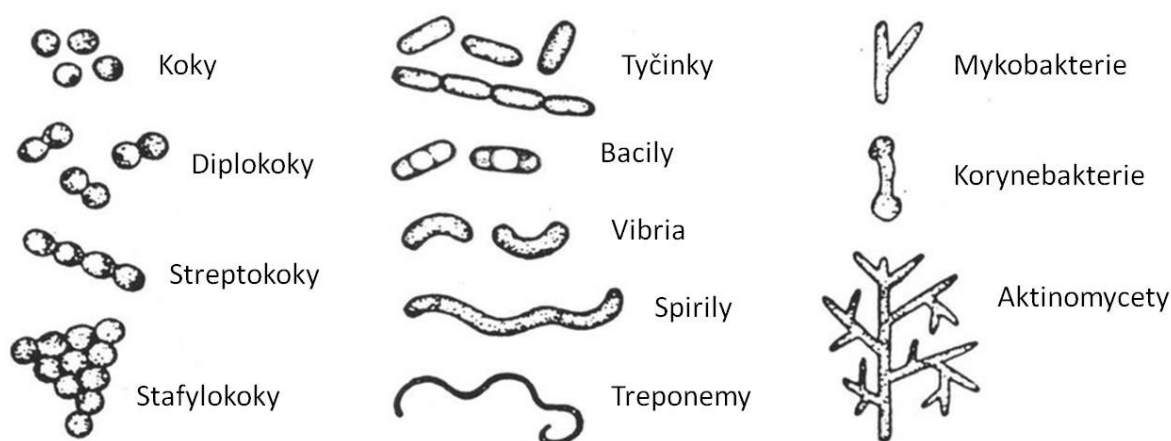
Důležitým taxonomickým znakem je tvar a uspořádání bakteriálních buněk viditelné v mikroskopu (Němec a Matoulková 2015).

Podle tvaru rozeznáváme:

1. Bakterie kulovitého tvaru, takzvané koky (Rosypal 1994; Němec a Matoulková 2015). Kok je tvarem nejjednodušším. Z hlediska prostředí se jedná o tvar nejvýhodnější. Koky bývají uspořádány různým způsobem, záleží na tom, v jakém směru se buňky rozdělily a zda zůstaly spojeny. Známý jsou diplokoky, tedy dvojice koků a streptokoky neboli řetízky koků, vznikající při dělení v jedné rovině. Dochází-li k dělení bakterií ve dvou na sebe kolmých rovinách, tvoří se tetrády, pokud dojde k dělení ve třech rovinách, vznikají balíčky, sarciny. Pokud dělení probíhá nahodile, tvoří se shluky. Nejznámějším příkladem nahodilého dělení je seskupení stafylokoků (Němec a Matoulková 2015).
2. Bakterie tyčinkovitého tvaru, takzvané tyčinky. Stejně tak, jako u výše uvedených koků, platí i u tyčinek, že po rozdělení mohou zůstat spojeny a vytvářet dvojice nebo i řetízky (Rosypal, 1994; Němec a Matoulková, 2015). Některé tyčinkovité bakterie, nazývané bacily, vytvářejí uvnitř svých buněk endospory. Endospory jsou velmi odolná kulovitá tělíska schopná přežít působení vysokých teplot nebo dezinfekčních prostředků (Rosypal 1994).
3. Zakřivené bakterie. Pod zakřivené bakterie řadíme vlastně bakterie tyčinkovité, které jsou jednou nebo i vícekrát zakřiveny. Do této skupiny patří bakterie

označované jako vibria, které jsou zakřiveny pouze jednou, a to do tvaru rohlíku. Spirily jsou bakterie několikrát zvlněné. Jako treponemy potom označujeme dlouhé bakterie kroucené šroubovicovitým způsobem (Rosypal 1994). Korynebakterie mají kyjovitý tvar s rozšířením na jednom z pólů. Bakterie mohou být dále obloučkovitě nebo esovitě zprohýbány. Některé se za určitých podmínek okolního prostředí prodlužují do vláken (Schindler 2014).

4. Větvicí se bakteriální buňky jsou poslední, které ve svém výčtu Rosypal (1994) uvádí. Aktinomycety je označení pro zcela se větvicí bakteriální buňky, částečně se větvicí buňky jsou označovány jako mykobakterie a bakterie s náznaky větvení jako korynebakterie (Rosypal 1994).



Obr. 3. Tvary a uspořádání bakteriálních buněk. Převzato a upraveno podle Rosypala (1994).

Převážná část bakterií se nepohybuje aktivně, ale pasivně. Jejich přemístění tedy záleží na charakteru prostředí, jsou například unášeny vodou. Známé jsou ale i druhy bakterií schopné aktivního pohybu. Buňky těchto druhů disponují bičíky, které jim pohyb umožňují. Počet i umístění bičíků se liší. Některé bakterie mají bičík pouze jeden, na jednom, nebo na obou koncích buňky. Mohou mít i celý trs bičíků, opět na jednom, nebo na obou koncích. Setkáme se ale i s bakteriemi které mají bičíky rozmístěny po celém povrchu buňky (Rosypal 1994).

S tvarem a uspořádáním bakteriálních buněk souvisí i jejich velikost. Bakterie jsou viditelné světelným mikroskopem. Koky disponují průměrem od 0,5 do 5 μm . Délka tyčinkových bakterií se pohybuje v rozmezí 1 – 7 μm , tloušťka od 0,3 do 2 μm . Spirochéty bývají výrazně větší, jejich délka činí 5 až 500 μm , tloušťka pak bývá udávána v rozmezí od 0,2 do 0,7 μm (Rosypal, 1994; Němec a Matoulková, 2015).

2.6 PATOGENY

Patogen je organismus způsobující onemocnění. Mezi patogeny patří bakterie, houby, prvoci, živočichové, ale i viry a priony (Méthot a Alizon 2014). Tato moje práce se podrobněji zabývá bakteriemi na starších pohřebištích, kde lze očekávat přežívání patogenů.

2.6.1 Patogenní bakterie

Patogenitou rozumíme schopnost způsobit infekční onemocnění. Míra patogenity pro daný živočišný druh je určená virulencí. Virulenci je obtížné stanovit, protože je měřitelná pouze *in vivo*. Jedná se o komplexní vlastnost bakterií, spočívající v invazivně (proniknutí do tkáně a následné pomnožení), ve schopnosti kolonizace (osídlení sliznice hostitele) a v adherenci na buňku (Schindler 2014). Dojde-li ke vstupu a pomnožení bakterie v organismu hostitele, mluvíme o takzvané bakteriální infekci. Výsledkem bývá onemocnění, které může, ale nemusí, být doprovázeno viditelnými příznaky. Bakterie, se schopností vniknout a vyvolat onemocnění v rostlinném, zvířecím nebo lidském organismu, jsou označovány jako patogenní (Rosypal 1994).

2.7 PŮDA JAKO STANOVIŠTĚ MIKROORGANISMŮ A PATOGENŮ

Půdou rozumíme nejsvrchnější část zemské kůry. Tvoří ji směs minerálních součástí, odumřelá organická hmota a soubor živých organismů. Vzniká ze zvětralin nebo z nezpevněných organických a minerálních sedimentů. Půda je vždy propojena se svým podložím (Bičík 2009). Svrchní část pevného zemského povrchu – pedosféru, tvoří půda. Půda vzniká na takzvané kůře zvětrávání. Pevný zemský povrch, který je vystaven účinkům vodstva a ovzduší, poskytuje zvětraliny, ty ale samy o sobě ještě půdou nejsou. Právě ony jsou ale nutným předpokladem k jejímu vzniku. K tvorbě půdy dochází až ve chvíli, kdy se k výše zmíněným vlivům přidává činnost organismů, konkrétně edafonu, mikroorganismů a vegetace (Tomášek 2014).

Půdní mikrobiologové zahrnují mezi mikroorganismy v půdě různé druhy bakterií, nižších hub, virů, aktinomycet, řas, prvoků, hlístic a členovců. Mikroorganismy jsou v půdě velice početné. V jednom gramu půdy se nachází jeden až deset milionů mikroorganismů. Nejpočetnější z nich jsou bakterie a nižší houby. Pojmeme struktura mikrobiální populace rozumíme složení, rozmanitost a počty mikrobiálního osídlení v půdě. Zdravá půda, která není ovlivněna nežádoucími látkami, disponuje velkou rozmanitostí a vysokými počty mikroorganismů (Bičík et al. 2009). V půdě jsou velmi příznivé podmínky pro růst a existenci mikroorganismů, obsahuje množství organických látek a obvykle také dostatek makrobiotických a stopových látek, vlhkosti i kyslíku. Za běžné situace v půdě nejsou

extrémní podmínky (nedochází k velkým výkyvům teploty, pH, solnosti ani redox potenciálu). Takto vzniká téměř ideální prostředí pro existenci mikroorganismů (Bičík et al. 2009).

Mikroorganismy, se kterými se setkáme v půdě, můžeme dle Němce a Matoulkové (2015) rozdělit do těchto tří skupin.

1. Autochtonní mikroorganismy. Jedná se o v půdě přirozeně se vyskytující organismy. Jejich populace je v půdě relativně stálá. Četnost jejich výskytu nezávisí na přítomnosti či nepřítomnosti substrátu. Nastane-li situace, při které bude nedostatek živin, dojde pouze ke změně počtu této populace. Mezi autochtonní mikroorganismy patří hlavně bakterie. Nalezneme zde například zástupce rodu *Pseudomonas*, *Arthrobacter*, *Streptomyces*, *Agrobacterium* a *Nocardia*. Z hub můžeme jmenovat zástupce rodů *Mucor*, *Aspergillus*, *Penicillium*, *Trichoderma* a další.
2. Zymogenní mikroorganismy. Ve větším množství, se zymogenní mikroorganismy v půdě vyskytují, pouze pokud je v okolním prostředí dostatek živin. Hrají velkou roli v koloběhu prvků a svou mohutnou metabolickou aktivitou se významně podílejí na procesech mineralizace. K zymogenním mikroorganismům patří především zástupci rodu *Bacillus*, *Mycobacterium*, *Aeromonas*, *Enterobacter* a další. Z hub potom například *Fusarium*, *Rhizopus*, *Cladosporium* a *Cephalosporium*. V této skupině nalezneme i bičíkovce a cyanobakterie.
3. Patogenní mikroorganismy vyskytující se v půdě dělíme dále na patogeny primární a sekundární. Pro primární patogeny je půda přirozeným stanovištěm. Jedná se především o mikroorganismy, které jsou patogenní pro rostliny, například bakterie a houby infikující kořenový systém. Mezi primárními patogeny ale nalezneme i bakterie nebezpečné pro člověka. Například původce tetanu – *Clostridium tetani*, původce plynaté sněti – *Clostridium perfringens*, nebo původce botulizmu – *Clostridium botulinum*. Naproti tomu sekundární patogeny se do půdy dostanou sekundárně z rezervoárů. Za vhodných podmínek jsou potom schopny přežít v půdě i řadu let, například původce antraxu – *Bacillus anthracis* přežije v půdě i 20 let (Němec a Matoulková 2015).

2.7.1 Bakterie v půdě

Prostředím, které je v přírodě nejvíce osídleno bakteriemi, je půda (Rosypal 1994). Právě v ní vytvářejí bakterie přirozená společenstva (Bičík et al. 2009). Dle Kutílka (2012) nalezneme v České republice na jednom čtverečním metru půdy asi sto bilionů (10^{14}) bakterií, v některých případech i stokrát víc. Hmotnost těchto bakterií se odhaduje na 100 až 700 g/m². V přepočtu se tedy nachází kolem 100 milionů, popřípadě i několik miliard, bakterií v pouhém jednom gramu ornice.

V půdě lze nalézt velké množství různých druhů bakterií se zcela odlišnými funkcemi pro půdu. Ani v dnešní době nejsou všechny role bakterií zcela objasněny. Bakterie plní v půdě spoustu důležitých funkcí, ať už mluvíme o jejich vztahu k vodnímu režimu, koloběhu prvků v přírodě nebo o schopnosti potlačit choroby rostlin (Bičík et al. 2009). Bakterie ovlivňují kořenovou výživu rostlin a tím i úrodnost půdy. Některé jsou schopny rozložit zbytky těl rostlin a živočichů, a dokonce je přeměnit na látky asimilovatelné vyššími rostlinami. Dojde-li k úplnému rozkladu těl a jejich zbytků, hovoříme o mineralizaci (Rosypal 1994). Bakterie jsou schopny ovlivnit pohyb vody v půdě tvorbou látek, které spojují částce půdy v drobné agregáty o velikosti 2 až 200 mikrometrů. Tyto agregáty zvyšují vodní kapacitu půdy. Bakterie žijící v půdě jsou důležité i pro koloběh prvků, jako je například síra nebo dusík, nebo jsou schopny rozkládat polutanty, například herbicity, pesticidy či insekticidy (Bičík et al. 2009).

Dle Bičíka (2009) můžeme půdní bakterie rozdělit do čtyř funkčních skupin. Většina z nich rozkládá organické látky v půdě a vytváří tak jednodušší látky, které mohou dále využít ostatní půdní organismy. Tímto procesem se přeměňuje energie obsažená v organických látkách na formu využitelnou dalšími organismy. Tyto bakterie mají i další, neméně důležitou roli. Ve svých buňkách jsou schopny zadržet dusík a další živiny, a zabránit tak jejich ztrátě, ke které by mohlo dojít například vymýváním srážkovou vodou z kořenové zóny.

Z první výše jmenované skupiny bakterií, se ve své knize Bičík (2009) podrobněji zaměřuje na aktinomycety, které plní v půdě více rolí, především rozkládají organickou hmotu. Přejít mezi nižšími houbami a bakteriemi tvoří právě aktinomycety. Jejich předností je schopnost rozložit i celulosu a chitin, což jsou velice těžko rozložitelné organické látky. Aktinomycety také tvoří látky s antibiotickými účinky. Některé druhy půdních bakterií, například *Pseudomonas fluorescens*, jsou schopny produkce látek působících proti nižším houbám. Tímto způsobem, jsou podobně jako aktinomycety, schopny redukovat aktivitu určitých rostlinných patogenů. Bakterie z rodů *Xanthomonas* a *Pseudomonas* mohou zvýšit rychlost růstu rostlin tvorbou látek, inhibujících růst patogenních hub, které napadají rostliny

nebo produkcí látek podporujících přímo růstové faktory (Bičík et al. 2009).

Do druhé skupiny bakterií řadí Bičík (2009) mutualistické organismy, které vytvářejí symbiotické vztahy s rostlinami. Mezi nejznámější patří bakterie, které jsou schopny fixovat vzdušný dusík a následně ho přeměnit na formy využitelné rostlinami. Dusík v plynné formě nemá pro fyziologické funkce rostlin význam, protože ho rostliny v této formě neumí využít. Právě nyní přicházejí na řadu bakterie fixující vzdušný dusík, které vytvářejí symbiotická společenství v kořenovém systému rostlin. Bakterie iniciují tvorbu kulovitých útvaru, takzvaných nodul, na kořenových vláscích rostlin, v těchto útvarech se následně množí a převádějí vzdušný dusík na anorganickou formu využitelnou pro rostliny (Bičík et al. 2009).

Ve třetí skupině najdeme bakterie patogenní pro rostliny žijící v půdě, na kvalitu půdy přesto nemají zvláštní význam. Bakterie patřící do rodů *Xymomonas*, *Erwinia* a *Agrobacterium* jsou nejznámější z této skupiny (Bičík et al. 2009).

Ve čtvrté skupině nalezneme litotrofní nebo chemoautotrofní organismy, které nezískávají energii z organických sloučenin, ale z anorganických sloučenin síry, dusíku a železa nebo z vodíku, a jsou, mimo jiné, důležité pro koloběh těchto prvků v přírodě (Bičík et al. 2009).

2.8 MIKROBIOM LIDSKÉHO TĚLA

Lidské tělo není tvořeno jen tkání jemu vlastní. Dnes již prokazatelně víme, že je z podstatné části tvořeno také mikrobiální složkou, která přispívá k zajištění normálních fyziologických funkcí (Spagnolo et al. 2019). Bylo prokázáno, že počet mikrobů kolonizujících zdravé lidské tělo převyšuje počet somatických buněk desetinásobně (Dash a Das 2020; Spagnolo et al. 2019; Zhou a Bian 2018).

Složení a velikost mikrobiálních společenstev se mezi sebou liší, roli hraje jejich umístění v různých částech těla a také konkrétní studovaný subjekt (Zhou a Bian 2018; Spagnolo et al. 2019). Každý člověk má svoji vlastní unikátní bakteriální flóru. Nachází se na povrchu kůže, v gastrointestinálním traktu i v ústní dutině a je známa pod pojmem mikrobiom. Lidský mikrobiom formuje mnoho různých faktorů. Mikrobiom novorozence závisí na způsobu porodu a typu krmení (mateřské mléko nebo kojenecká výživa). Později je mikrobiom utvářen s ohledem na stravu, věk, pohlaví, užívání léků a prodělané nemoci (Wójcik et al. 2021).

Určité části těla jsou kolonizovány konkrétními mikroorganismy. Složení mikrobiálních komunit je ovlivněno faktory vnitřními (zdravotní stav hostitele) a vnějšími (například teplota, vlhkost, užívání léků a antibiotik, strava). Tyto změny, i když dynamické,

jsou často předvídatelné (Zhou a Bian 2018; Dash a Das 2020).

Každá část těla má své charakteristické dominantní taxony bakterií (Dash a Das 2020). Kožní mikrobiom se skládá ze čtyř hlavních kmenů: *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* a *Proteobacteria*. Nejhojnější rody jsou *Staphylococcus spp.* (většinou *S. epidermidis*), *Corynebacterium*, *Propionibacterium*, *Brevibacterium* a *Micrococcus* (Wójcik et al. 2021). Největší koncentrace bakterií je ve slinách (Dash a Das 2020). V ústní dutině najdeme převážně rody *Streptococcus*, *Veillonella*, *Fusobacterium*, *Neisseria*, *Haemophilus*, *Propionibacterium*, *Eikenella*, *Peptostreptococcus* a *Eubacteria*. Bakterie přítomné v nosní dutině jsou *Actinobacteria* (*Propionibacterium* a *Corynebacterium*) a *Firmicutes* (*Staphylococcus spp.*). Průdušky a plíce jsou většinou kolonizovány čtyřmi kmeny: *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Proteobacteria* a *Actinobacteria*. Nejběžnějším taxonem v jícnu je *Streptococcus*. Případně mohou být přítomny i *Haemophilus*, *Prevotella*, *Neisseria* a *Veillonella*. Žaludek je osídlen kmeny *Proteobacteria* (*Helicobacter pylori*) a *Firmicutes*. Ve střevech dominují tyto dva kmeny: *Bacteroidetes* a *Firmicutes*, většina střevních bakterií je anaerobních: *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Fusobacterium*, *Eubacterium* a *Ruminococcus*. Ve střevech jsou však přítomny i aerobní a obligátně anaerobní bakterie (*Enterobacter spp.*, *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Klebsiella spp.* a *Proteus spp.*). V pochvě je nejhojnější rod *Lactobacillus* (*L. crispatus*, *L. gasseri*, *L. iners*, *L. jensenii*), (Wójcik et al. 2021).

Diverzita hubových mikroorganismů v lidském střevě je mnohem nižší než bakteriální. Nejhojnější rodem kvasinky v lidské stolici je *Candida*, následovaná *Malassezia* a *Saccharomyces*. Zástupce nejpočetnějšího oddělení hub, *Ascomycota*, nalezneme nejen ve stolici, ale také v pochvě, ústní dutině a na kůži. V zažívacím traktu stojí za zmínku rody *Cladosporium* a *Cryptococcus*. Na pokožce je nejhojnější *Malassezia*. V ústní dutině jsou přítomny *Candida*, *Saccharomyces*, *Penicillium*, *Scopularis*, *Geotrichum* a *Aspergillus*. V dolních dýchacích cestách patří mezi nejhojnější *Cladosporium*, *Aspergillus*, *Candida*, *Malassezia* a *Saccharomyces*. V urogenitálním systému se běžně setkáme s rody *Saccharomyces*, *Candida*, *Aspergillus*, *Cladosporium* a *Alternaria* (Wójcik et al. 2021).

Tato práce se podrobněji zabývá screeningem nalezených bakterií v půdě pohřebišť. Dalším mikroorganismům, které tvoří mikrobiom lidského těla, tedy nebude níže věnován větší prostor.

2.9 POSMRTNÉ MIKROBIÁLNÍ ZMĚNY

Mikrobiální změny, ke kterým dochází po smrti, nejsou stále zcela pochopeny. Ve zdravém lidském těle zabraňuje imunitní systém mikrobiální kolonizaci vnitřních orgánů a

tekutin (např. krve, mozkomíšního moku, srdce, mozku, jater, sleziny). Po smrti ale imunitní systém a fyzické bariéry selhávají a mikroby tak začínají růst (Zhou a Bian 2018; Spagnolo et al. 2019). K růstu mikroorganismů dochází v celém těle, počínaje ileocekální oblastí (Spagnolo et al. 2019). Takové změny formují a jsou ovlivňovány jak hostitelskými mikroorganismy, tak mikroorganismy prostředí (Zhou a Bian 2018).

Při definování počtu stupňů rozkladu se autoři rozcházejí, obvykle se ale rozlišují tři až pět fází rozkladu (Wójcik et al. 2021; Shirley et al. 2011).

1. Čerstvá mrtvola
2. Stupeň zbarvení
3. Nadýmání
4. Hnití
5. Vysychání

V první fázi rozkladu zaznamenáváme posmrtnou ztuhlost, bledost a chlad. V těle probíhá autolýza, způsobená trávicími enzymy. Postupně tak začíná rozklad orgánů. Vnitřní teplota těla se sníží a tělo kolonizuje první hmyz (*Calliphoridae*). Dále dochází k zbarvení těla. Tato fáze bývá rychlá a je tedy špatně pozorovatelná, a to zvláště v letních měsících. Třetí fáze, nadýmání, je charakteristická aktivitou bakterií. (Shirley et al. 2011). Lidské tělo se po smrti stává bohatým zdrojem živin díky autolýze buněk, která přitahuje různé mikroorganismy i makroorganismy (Dash a Das 2020). Po smrti jedince totiž přestane fungovat jeho imunitní systém a dojde ke změně vnitřních teploty, což radikálně mění prostředí pro mikrobiální kolonizaci a růst. Většina endogenních mikrobů žije v gastrointestinálním traktu a posmrtné změny ve střevní mikrobiální komunitě vedou k nadýmání mrtvoly, a nakonec k jejímu prasknutí. Po prasknutí mrtvoly prostupují půdou tekutiny bohaté na amoniak, což významně ovlivní koncentraci dusíku a pH. Tento bohatý zdroj živin a výrazné změny v chemii půdy iniciují jasnou ekologickou posloupnost půdních mikrobiálních organismů se zvýšenou kapacitou cyklování dusíku a tolerancí vůči změněnému chemickému prostředí půdy. Dochází k degradaci aminokyselin a následné produkci amoniaku (Metcalf et al. 2016). Hnilobný zápach vzniká díky produkci plynů bakteriemi. Tento zápach přiláká další druhy hmyzu. Následně dojde k úbytku hmotnosti, vypuštění plynů, splasknutí a k expozici kostry. Posledním bodem je vysychání kostry (Shirley et al. 2011).

2.9.1 Thanatomiobiom a Epinecrotic miobiom

Lidský posmrtný miobiom se skládá ze dvou složek: thanatomiobiomu, který se skládá z mikrobů nalezených po smrti ve vnitřních orgánech a tekutinách, a epinecrotických miobiálních komunit, sestávajících z mikrobů nacházejících se na povrchu rozkládajících se zbytků. Mikroby spojené s vnitřními orgány a tekutinami jsou méně ovlivňovány podmínkami prostředí než ty spojené s vnějšími orgány (Zhou a Bian 2018; Spagnolo et al. 2019).

Po smrti hostitele určité typy mikrobů expandují ve vnitřních orgánech a jiné naopak vyhynou. K této změně dochází jak ve vnitřních orgánech, které jsou kolonizovány mikroby již za života hostitele (jako jsou plíce a střeva), tak i v místech, která jsou v živém hostiteli sterilní (jako je krev, játra, slezina, srdce a mozek). Právě orgány, jako je například mozek nebo slezina, jsou po smrti postupně kolonizovány mikroby. U nesterilních míst, jako jsou střeva, se po smrti zvyšuje počet mikroorganismů, zatímco jejich druhová rozmanitost klesá (Zhou a Bian 2018).

Thanatomiobiom je velice dynamický. Byly pozorovány podstatné variace thanatomiobiomu v místě uložení těla v různých stádiích rozkladu. Mikroorganismy mění svá místa v rámci těla, ale také cestují mezi prostředím a mrtvolou. Byla zaznamenána migrace mikrobů z tělních dutin do tekutiny v tělesné blízkosti těla. Environmentální miobiální společenství se významně liší v různých zeměpisných umístěních a typech prostředí, proto mohou environmentální kmeny identifikované v thanatomiobiomu potenciálně odvodit umístění mrtvoly (Zhou a Bian 2018).

Epinecrotic miobiom je dalším důležitým biomarkerem nejen času smrti, ale také místa smrti, protože epinecrotická miobiální společenství se nacházejí na povrchu těla a jsou tedy v úzké interakci s prostředím, tedy i s mikroorganismy okolního prostředí. Proto se studie o epinecrotic miobiomu obvykle zaměřují na konkrétní podmínky prostředí (voda, les). Bylo prokázáno, že faktory prostředí, jako jsou roční období, hrají zásadní roli ve složení epinecrotic miobiomu (Zhou a Bian 2018).

Kromě změn miobiomu na povrchu těla a souvisejících s vnitřními orgány dochází také k podstatným miobiálním změnám v substrátu kolem těla, přičemž nejvíce studovaným substrátem je půda. Změny půdních miobiálních společenstev kolem lidských mrtvol zahrnují výraznou změnu ve složení komunity, ale nikoli celkovou početnost druhů (Zhou a Bian 2018).

Při rozkladu těla má miobiální a biochemická aktivita za následek řadu stadií rozkladu, které jsou spojeny s reprodukovatelnou miobiální posloupností. Ve své práci Metcalf et al. (2016) prokázal, že miobiální posloupnost je předvídatelná napříč typy půdy,

ročními obdobími a hostitelskými druhy. Mikrobiální metabolismus ani následná ekologie podporující rozklad však stále nejsou zcela objasněny. Není zcela jasné, zda jsou mikrobiální taxony, které vedou k rozkladu, všudypřítomné napříč prostředím, ročním obdobími a fylogenezí hostitele. Další nezodpovězenou otázkou je, zda mikroby, které řídí rozklad, pocházejí primárně z hostitele nebo z prostředí. Otázkou také zůstává, zda je metabolická posloupnost mikrobiálního rozkladu ve fyzikálně-chemickém kontextu rozpadu a fylogeneze hostitele zachována (Metcalf et al. 2016).

3 MATERIÁL A METODY

3.1 LOKALITY

Sběr vzorků pro tuto práci se uskutečnil na dvou odlišných lokalitách, historických pohřebištích, v České republice. Obě lokality disponují podobnou nadmořskou výškou, a spadají do stejné klimatické oblasti, ale liší se jak svou příslušností do dvou různých biogeografických regionů, tak i půdními typy, subtypy a rozdílným půdotvorným substrátem. První lokalita, Hostivice, se nachází ve Středočeském kraji v blízkosti hlavního města Prahy. Druhá lokalita, Semonice, leží v Královéhradeckém kraji, nedaleko Hradce Králové a je evidována jako část města Jaroměř.



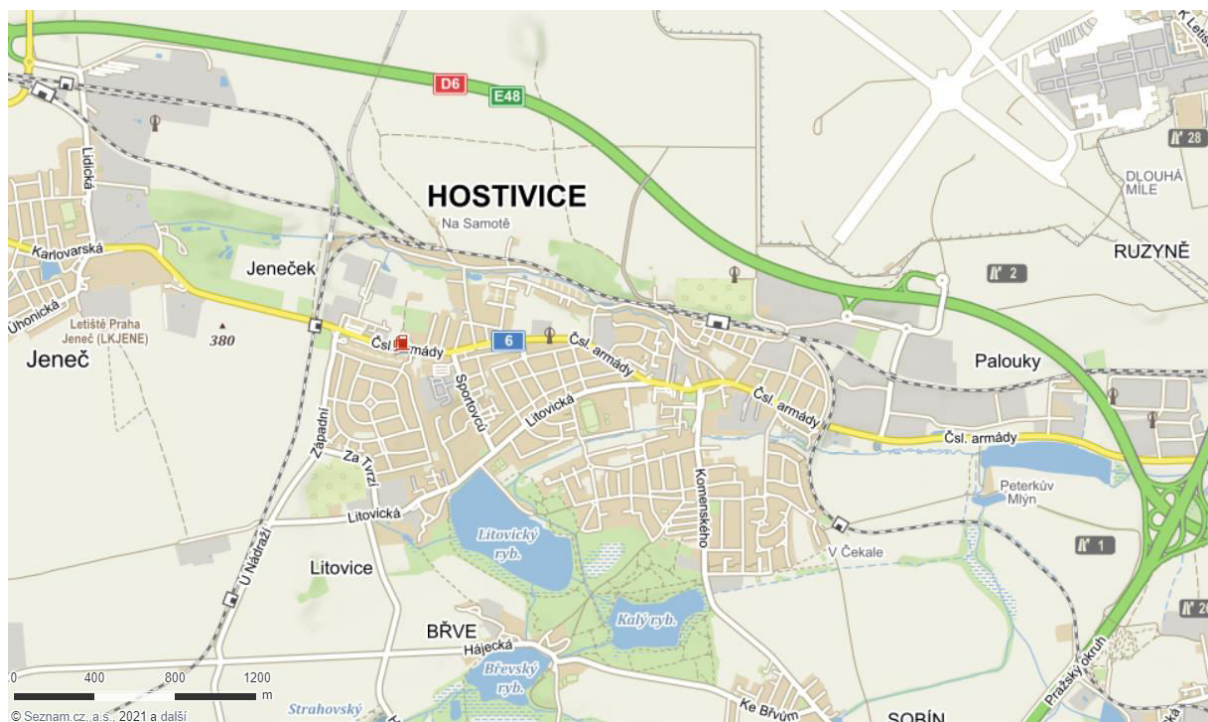
Obr. 4. Lokality vyznačené na mapě. První lokalita Hostivice, druhá lokalita Semonice [1].

3.1.1 Hostivice

Město Hostivice se nachází ve Středočeském kraji, v okrese Praha-západ. Od západní hranice hlavního města jsou Hostivice vzdáleny asi čtyři kilometry. Město se nachází v nadmořské výšce 341 metrů nad mořem [2].

Hostivice náleží do Řípského bioregionu. Biogeografickým regionem rozumíme individuální jednotku v rámci biogeografického členění krajiny na regionální úrovni. Biocenózy nacházející se v bioregionu jsou ovlivněny polohou tohoto regionu a evidujeme u nich charakteristické chronologické rysy. V rámci bioregionu se tedy většinou neobjevují

další rozdíly v potencionální biotě než rozdíly, které jsou způsobeny odlišným ekotopem (Culek et al. 1996).



Obr. 5. První lokalita, Hostivice [2].

3.1.1.1 Hydrologie

Hostivicí protéká Litovický a Jenečský potok. Hlavním tokem je potok Litovický, právě do něj se v centru města vlévá i menší Jenečský potok. V katastru města se nachází komplex tří větších rybníků, konkrétně se jedná o rybník Litovický, Břevský a Kala [2].

3.1.1.2 Horniny

Celé území Řípského bioregionu spadá do české křídové pánve, která je zde tvořena vápnitými horninami, opukami, slíny a v omezené míře také vápnitými pískovci. Jih až jihozápad bioregionu, tedy právě naše zájmové území a okolí Prahy, je tvořen poměrně tenkou vodorovnou pokrývkou křídových sedimentů na vrcholových plošinách. V údolích nalezneme tvrdé horniny proterozoika, jako jsou buližníky a břidlice, nebo horniny permokarbonu, například slepence, lupky a arkózové pískovce. Řípský bioregion poskytuje značný prostor i kvartérním pokrývkám, především zde nalezneme vápnité spraše v okolí řeky Vltavy, na Podřipsku narazíme také na kyselé říční štěrkopisky (Culek et al. 1996).

3.1.1.3 Podnebí

Informace o podnebí jsou v mé práci zahrnuty v kontextu celého Řípského bioregionu.

Pro tento bioregion je typické suché a teplé podnebí. V Hostivici jsou tedy poměrně krátká, teplá až mírně teplá jara, dlouhá teplá a suchá léta, krátký, teplý až mírně teplý podzim a krátká, suchá až velmi suchá zima. Teploty se pohybují mezi 8 – 9 °C. Roční úhm srážek v této oblasti je mezi 450 – 500 mm. Směrem na jih a východ roční úhm srážek stoupá nad 500 mm. Území výrazně ovlivňuje západní proudění, v hlubších údolích jižní části se nacházejí chráněné polohy, které jsou místy projevů teplotní inverze (Culek et al. 1996).

3.1.1.4 Půdy

Půdy se od sebe navzájem liší, nejsou všude stejné. Změny nejsou náhodné, naopak vykazují systémovou závislost na okolním prostředí (Kutílek 2012). Vazby mezi jednotkami půd nejnižšího řádu a jednotlivými půdními faktory odráží prostorové uspořádání půd, které je vyjádřeno strukturou půdního krytu. Na základě syntézy obsahu map půdních druhů a typů, geologického substrátu, klimatických regionů, způsobu využití, dynamiky jejich proměn v čase a v neposlední řadě i geomorfologických jednotek můžeme popisovat geografii půd (Bičík et al. 2009).

Převažujícím půdním typem Řípského bioregionu jsou karbonátové černozemě, přecházející do pararendzin. Na svazích údolí řeky Vltavy a jejích přítoků se vyskytují v úzkých pruzích typické kambizemě. Tyto půdy přecházejí až do rankerů, především pak na strmějších skalnatých svazích. V jižní části regionu jsou na spraších zastoupeny ostrovy hnědozemí (Culek et al. 1996).

Podle klasifikačního systému půd České republiky je půdním typem v Hostivici černozem (Bičík et al. 2009). Černozemě jsou rozšířeny v nejteplejších a nejsušších oblastech České republiky. Vznikly pod původní stepí a lesostepí v raných obdobích postglaciálu (Tomášek 2014).

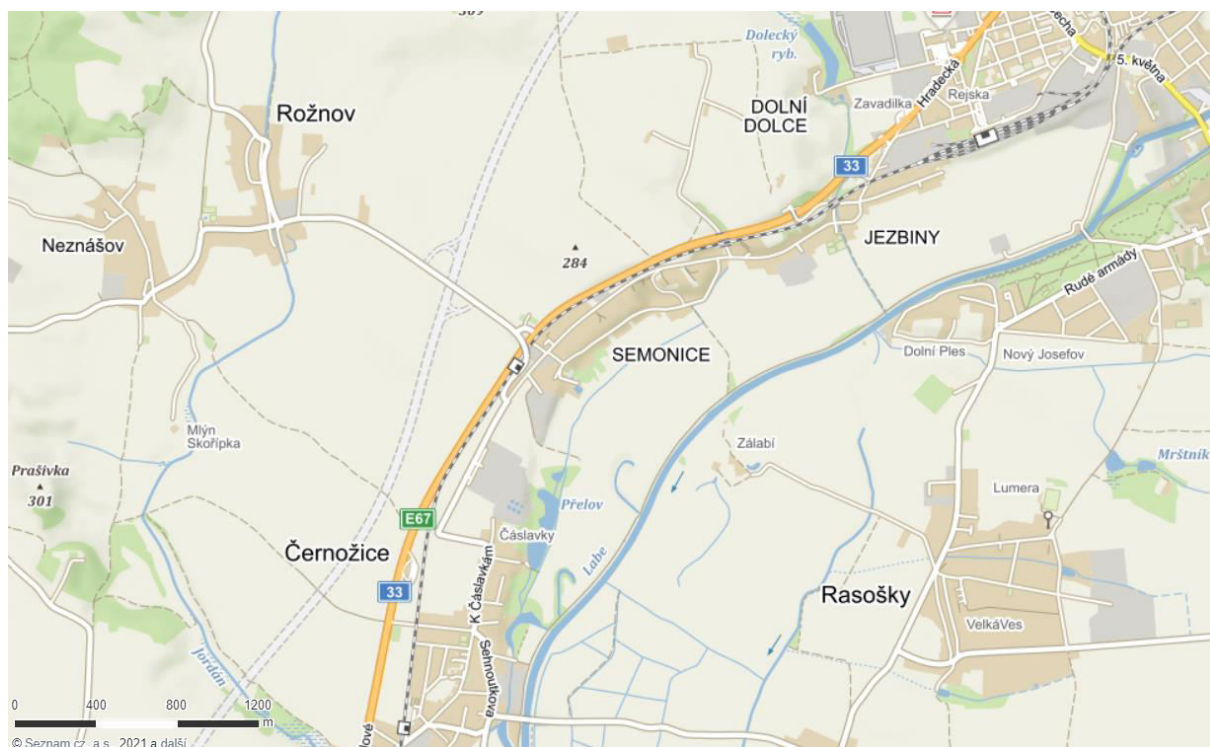
Černozem můžeme popsat jako hlubokohumózní půdu s černickým horizontem, která je vyvinuta z karbonátových sedimentů. Černozemě jsou sorpčně nasycené půdy. Obsah humusu v černickém anhydrogenním humózním horizontu je 2,0 – 4,5 %. Černozem se vytvořila ze spraší, písčitých spraší a slínů (Kozák et al. 2009; Tomášek 2014). Kozák (2009) ve své knize dále uvádí, že půdním subtypem na území Hostivice je černozem černická a půdotvorným substrátem je spraš, prachovice nad jiným podložím než terasy. Dle Tomáška (2014) je pro černozemě charakteristický tmavě zbarvený, nápadně mocný humusový horizont. Ten obvykle sahá do hloubky okolo 60 – 80 cm. Typická je pro něj odolná vodostálá struktura a hojný edafon.

Nejčastěji se setkáme se středně těžkými černozeměmi, které jsou bez skeletu, obsah

kvalitního humusu je vyšší až vysoký, sorpční vlastnosti jsou velmi dobré a reakce neutrální. Fyzikální vlastnosti bývají u černozemí také velmi příznivé (Tomášek 2014).

3.1.2 Semonice

Vesnice Semonice je evidována jako část města Jaroměř, spadá do okresu Náchod v Královéhradeckém kraji. Semonice se nachází v nadmořské výšce 260 metrů nad mořem [3].



Obr. 6. Druhá lokalita, Semonice [3].

3.1.2.1 Hydrologie

Hlavním vodním tokem je řeka Labe. Souběžně s řekou protéká Semonicemi Mlýnský náhon. V katastru Semonice nalezneme také menší rybník Přílov [3].

3.1.2.2 Horniny

V Cidlinsko - chrudimském bioregionu převládají slíny svrchního turonu až koniak, plochy na rozhraní jsou tvořeny tvrdými slínovci, severovýchod a jihozápad disponuje slinitými horninami středního až spodního turonu. Cenomanské kvádrové pískovce a částečně i permské podloží nalezneme na Hořickém hřbetu. V tomto bioregionu nalezneme také rozsáhlé pokryvy spraší, konkrétně se nacházejí západně od Cidliny i Labe nad Hradcem Králové a v okolí Chrudimi. Menší plochy tvořené kyselými terasovitými šterkopísky až písky se vyskytují na jihu cidlinské části bioregionu. V neposlední řadě musíme zmínit nivní

sedimenty, které mají značný rozsah, a místy se objevující slatiny nebo ložiska pánevních pěnoveců (Culek et al. 1996).

3.1.2.3 Podnebí

Převážná část území Cidlinsko - chrudimského bioregionu leží v teplé klimatické oblasti. Jara jsou zde poměrně krátká, teplá až mírně teplá. Léta bývají teplá dlouhá a suchá. Poměrně krátký, teplý až mírně teplý bývá podzim, po kterém nastupuje krátká, suchá až velmi suchá zima. Okrajové části území Cidlinsko - chrudimského bioregionu leží v mírně teplých oblastech. Průměrná roční teplota se pro město Jaroměř, jehož částí Semonice jsou, udává 7,6 °C. Roční úhrn srážek 674 mm, ukazuje, že se jedná o území výrazně vlhčí než u regionů položených západněji (Culek et al. 1996).

3.1.2.4 Půdy

V Cidlinsko - chrudimském bioregionu se podél toku řeky Cidliny setkáme s velkými plochami černicové černozemě a šedozemě. Pro oblast severovýchodně od Hradce Králové jsou charakteristické velké ostrovy pararendzin (Culek et al. 1996).

Podle klasifikačního systému půd České republiky je půdním typem Semonic fluvizemě (Bičík et al., 2009; Tomášek, 2014). Tyto půdy se vytvářejí v nivách potoků a řek z povodňových sedimentů (Kozák et al. 2009; Tomášek 2014). Konkrétně Semonice disponují půdním subtypem označovaným jako modální fluvizem, tedy fluvizem ze středně těžkých substrátů (Kozák et al. 2009). Fluvizem modální má projevy glejového procesu v hloubce asi pod 1 m, tedy hluboko v profilu (Tomášek 2014). Půdotvorným substrátem jsou v této lokalitě bezkarbonátové nivní sedimenty (Kozák et al. 2009). Fluvizemě nalezneme zvláště podél větších toků, kde vyplňují dna říčních údolí. Řadí se mezi velmi mladé půdy. Půdotvorný proces býval často periodicky přerušován, protože při záplavách dochází k ukládání nového zeminného nánosu na tvořící se půdu (Tomášek 2014).

Stratigrafie fluvizemě je velmi jednoduchá. Disponují nevýrazným humusovým horizontem, přímo pod ním leží matečný substrát, který je tvořen naplaveným materiálem. Celý profil má obvykle hnědou nebo šedohnědou barvu. Zrnitostní složení fluvizemě se výrazně mění v závislosti na vzdálenosti od řečiště a také na rychlosti toku. Partie přiléhající k řečišti a také nivy bystrých toků bývají obvykle lehčí a naopak. Při bázi půdy nalezneme šterkovou vrstvu. Tyto půdy obvykle nebývají ovlivňovány nadbytečnou vlhkostí, výjimku tvoří období občasných záplav. Na projevy glejového procesu narazíme v půdním profilu až poměrně hluboko. Fluvizemě mívají střední obsah humusu, i přesto ale prohumóznění zasahuje značně hluboko. Samotné složení humusu můžeme charakterizovat jako relativně

příznivé. Sorpční vlastnosti jsou dobré, především potom u těžších půd. U fluvizemě počítáme s reakcí neutrální až slabě kyselou. Fyzikální vlastnosti těchto půd jsou příznivé, zejména potom u ve svrchních částech profilu (Tomášek 2014).

3.2 STÁŘÍ VYBRANÝCH POHŘEBIŠŤ

3.2.1 Hostivice

Pohřebiště v Hostivici je datováno do druhé poloviny šestnáctého, až první poloviny sedmnáctého století (Průchová et al. 2011; Mudra et al. 2012).

3.2.2 Semonice

Semonické pohřebiště pochází z 18. století, pravděpodobně z jeho druhé poloviny (Průchová, ústní sdělení).

3.3 ODBĚR VZORKŮ

Vzorky odebírala Mgr. Erika Průchová, archeoložka a antropoložka, zaměřená na tafonomii lidského těla. Odběr byl proveden v laboratoři. Vzorky byly odebrány z dutiny ústní, konkrétně ze zubu a dále z půdy v oblasti dutiny břišní konkrétně ileocekální oblasti.

V čelistech byl vybrán vhodný, kompaktní zub, který byl následně extrahován. V případech, že vězel pevněji, byly použity zubařské kleště pro extrakci.

3.4 ZPRACOVÁNÍ VZORKŮ

Zpracování vzorků provedla Bioptická laboratoř s.r.o., která je největší cytologickou a bioptickou laboratoří v České republice. Laboratoř je akreditovaná ČIA dle ČSN EN ISO 15189 a sídlí na Mikulášském náměstí 628/4, 326 00 Plzeň Slovany.

3.4.1 Přístroj

Pro screening vzorků byl použit přístroj společnosti Illumina, konkrétně MiSeq.

3.4.2 Software

Použitým softwarem byl Isas (Analysis Software) verze 2.6.2.3.

3.5 IZOLACE DNA

Pro izolaci DNA byla využita kombinace dvou metod, klasické fenol-chloroformové extrakce upravené dle Sambrook a Russell (2006) a současně modernější izolace pomocí magnetických kuliček (Trojánec 2013). Fenol-chloroformová extrakce měla za cíl co nejúčinnější rozbití bakterií, které se mohly nacházet ve formě spor. Následující izolace pomocí magnetických kuliček měla přinést co nejčistší DNA pro sekvenaci na přístroji

Illumina. Fenol-chloroformová extrakce je založená na tom, že DNA se rozpouští ve vodě, zatímco v chloroformu a fenolu podstatně hůře. Avšak proteiny jsou z části polární a zčásti nepolární a proto se jejich aminokyseliny zčásti nasměrovávají do vody a z opačné části do fenolu. Proto se na hranici obou prostředí vytvoří vrstva proteinů (Green a Sambrook 2012). Předností magnetických kuliček je schopnost navázat na svůj povrch DNA. Díky této schopnosti je snadné zbavit se ostatních nežádoucích složek, které po extrakci zůstávají. Magnetické kuličky jsou kompozity, jsou tedy složeny ze dvou složek. První složka je ferro- nebo ferimagnetická, druhá potom diamagnetická. Interakci s vnějším magnetickým polem tedy zajišťuje již zmíněná první složka, kdežto interakci s biologickými systémy složka druhá (Pečová et al. 2010).

Extrakce DNA z půdních a kosterních vzorků:

1. Vzorek rozdrčené vnitřní zubní tkáně, nebo hlíny, byl rozmixován v 1,5 ml zkumavce (Eppendorf) v 400 μ l destilované vody, pak bylo přidáno 700 μ l roztoku ROTI®-FENOL/CHLOROFORM/ISOAMYLALKOHOL (roztok v TE pufru), (firma P-LAB, City Park Hostivař, U Pekáren 1645/1, Praha 10 - Hostivař) a směs se 3 minuty vortexovala.
2. Centrifugace 7 minut 11 000 g a odebrání horní vodné fáze a přenos do nové plastové 1,5 ml zkumavky. Na rozhraní vodné a fenol-chloroformové fáze se vysráží bílkoviny je nutné je neodebrat a nekontaminovat odebíranou vodnou fází.
3. Opakování kroku jedna.
4. Opakování kroku dva.
5. Opakování kroku jedna, ale pouze s chloroformem, namísto fenol-chloroformu-isoamyl alkoholu.
6. Opakování kroku dva.
7. Voda s DNA z kroku šest byla v množství 200-300 μ l smíchána se 100 μ l 5 M NaCl, 200 μ l 40 % PEG (polyethylenglykol), 50 μ l roztoku magnetických nosičů Clean NGS (firma CleanNA, Waddinxveen), (upraveno dle Trojáněk 2013). Inkubace 15 minut.
8. 1,5 ml zkumavky byly po dobu 5 min umístěny do magnetického separátoru, (vlastní výroba).
9. Supernatant byl odpipetován tak, aby nebyly odebrány magnetické kuličky (nosiče).

10. Vyjmutí z magnetického separátoru a magnetické nosiče, na kterých byla navázána DNA, byly promyty 500 μ l 70 % ethanolem.
11. Opětovné vložení do magnetického separátoru, odpipetování supernatanu.
12. Vyjmutí z magnetického separátoru a promytí 200 μ l 70 % ethanolem.
13. Vložení do magnetického separátoru, odpipetování supernatanu a zbylý etanol se nechal krátce odpařovat do vyschnutí.
14. Vyjmutí z magnetického separátoru. DNA, která byla navázána na magnetické částice, byla následně eluována do 50 μ l TE pufru za laboratorní teploty. Po dobu 60 min.
15. Vložení do magnetického separátoru a byl napipetován TE pufr obsahující DNA. Po odpipetování supernatanu byly nosiče odseparovány pomocí magnetického separátoru a eluát obsahující DNA byl odebrán do čisté mikrozkušavky.

3.6 ILLUMINA

Knihovna pro metagenomické sekvenování byla připravena pomocí genových amplifikátorů (16S rRNA) a vytvořena v systému Illumina MiSeq. Při práci byl dodržen přesný postup, bez odklonu od firemního manuálu. Tento podrobný manuál je dostupný zde: <https://support.illumina.com/documents/documentation/chemistry_documentation/16s/16s-metagenomic-library-prep-guide-15044223-b.pdf > [4]

Pracovní postupy sekvenování Illumina jsou teoreticky a podrobněji popsány dle Illumina, Inc. (2017), Ansorga (2009) a Mardise (2008) v kapitole 2.4.1 Proces Illumina.

Výsledky z přečtených sekvencí byly zpracovány na softwaru od firmy Illumina © 2019 Illumina, Inc. Analysis software version: 2.6.2.3 Získaná data jsou k dispozici na CD disku, z každého vzorku bylo získáno 500-2500 typů bakterií klasifikovaných do říše, kmene, třídy, řádu, čeledi, rodu a druhu. Uvedení i pouze jednoho vzorku v příloze by zabralo desítky stránek. Druh se mnohdy nepodařilo podle přečtených sekvencí určit, ale u rodů byly výsledky ve většině případů, vzácněji se podařilo sekvence zařadit pouze do vyšších taxonů jako čeleď, nebo řád.

4 VÝSLEDKY

Získané přečtené sekvence ze všech vzorků po zpracování na Illumina softwaru (Analysis software version: 2.6.2.3) přinesly rozsáhlé přehledy přítomných bakterií, které vyžadují podrobné zpracování, v této práci se zaměříme hlavně na nejvíce rozšířené rody, v jednotlivých vzorcích, což jsou zejména půdní bakterie. Pro ukázkou je v kapitole „Přílohy“ v Tab. 6. uveden přímý výstup sekvencí zpracovaných do taxonomických jednotek (vz.HZ1399). Ostatní vzorky nejsou uvedeny. V současných vědeckých studiích je možno tyto data uvést jako doplňkový materiál ke stažení z internetu, což však systém kvalifikačních prací ZČU neumožňuje.

4.1 PŘEHLED NEJVÍCE ZASTOUPENÝCH RODŮ U JEDNOTLIVÝCH VZORKŮ

4.1.1 První vzorek

U vzorku ze Semonic, odebraného ze zubu (vz. SZ108-3), uvádím podrobněji sedm nejrozšířenějších rodů (Tab. 1., Obr. 7.). Nejvíce se vyskytoval rod *Propionibacterium*. Jedná se především o fakultativní parazity a symbionty vyskytující se u člověka i jiných živočichů, kde žijí uvnitř a kolem potních a mazových žláz a dalších oblastí kůže. Tyto bakterie jsou prakticky všudypřítomné a nezpůsobují většině lidí problémy, avšak některé druhy rodu *Propionibacterium* se podílejí na akné a mají vliv na stav pokožky (Bojar a Holland 2004).

Druhým nejvíce rozšířeným bakteriálním rodem ve vzorku byl *Staphylococcus*, což je rod zahrnující asi 40 druhů. Z nich devět má dva poddruhy, jeden má tři poddruhy a jeden má čtyři poddruhy (Haris et al. 2002). Mnoho druhů nezpůsobuje onemocnění a pobývá normálně na kůži a sliznicích zvířat a lidí. Bylo zjištěno, že některé druhy rodu *Staphylococcus* osídlují také nektar květů (Jacquemyn 2013). Jsou také složkou půdního mikrobiomu (Singh et al. 2018).

Třetím rodem byl *Chitinophaga*, první druh byl izolovaný z půdy v Jižní Koreji v roce 2007, ale může se vyskytovat i u člověka. Konkrétně byl nalezen u ženy se sníženou imunitou (Crémet et al. 2009). Bylo dokázáno, že jeden druh *Chitinophaga* se je symbiontem houby *Fusarium keratoplasticum* (Shaffer et al. 2017).

Dalším je rod *Corynebacterium*, tento rod je v přírodě široce rozšířený, vyskytuje se v půdě, ale také v mikroflóře všech zvířat a člověka. Jedná se většinou o neškodné, často symbiotické bakterie (Collins et al 2004). Některé se využívají i v průmyslu zejména *C. Glutamicum* (Poetsch et al. 2011). Některé mohou způsobit onemocnění člověka, např. *C. Diphtheriae*, která způsobuje záškrť (Okamoto et al. 2018).

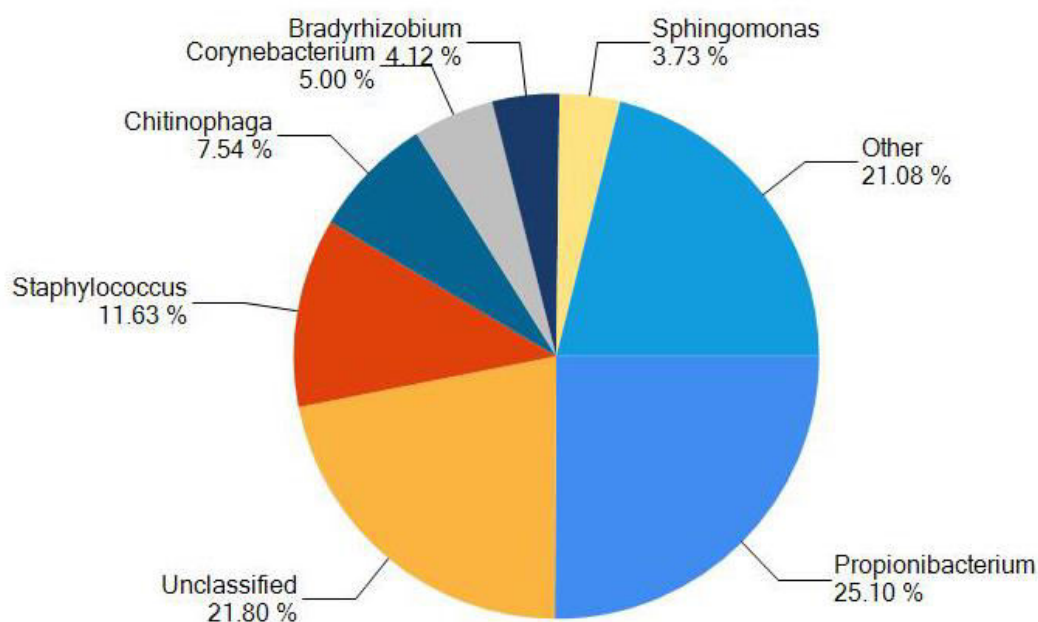
Další hojně zastoupený rod byl *Bradyrhizobium*. Druhy *Bradyrhizobium* jsou mikroorganismy běžně žijící v půdě, schopné vytvářet symbiotické vztahy s druhy luštěnin, kde fixují dusík výměnou za sacharidy z rostliny. Mnoho členů tohoto rodu má schopnost fixovat atmosférický dusík do forem snadno dostupných pro použití jinými organismy (Urquiaga et al. 2019). *Bradyrhizobie* jsou také hlavními složkami mikrobiálních komunit lesní půdy. Kmeny izolované z těchto půd nejsou obvykle schopné fixace dusíku (Van Insberghe et al. 2015).

Očekávaným rodem byl *Sphingomonas*, jeho druhy jsou v přírodě široce rozšířeny, byly izolovány z mnoha různých pozemních a vodních stanovišť, také z kořenových systémů rostlin, klinických vzorků a dalších zdrojů. Jsou schopné přežít v nízkých koncentracích živin a také metabolizují širokou škálu zdrojů uhlíku. U některých druhů rodu bylo také zjištěno, že zlepšují růst rostlin během stresových podmínek, jako je sucho, slanost a přítomnost těžkých kovů v zemědělské půdě (Asaf et al. 2019). Některé druhy rodu *Sphingomonas* (zejména *Sphingomonas paucimobilis*) také hrají roli v lidských onemocněních, a to především tím, že způsobují řadu převážně nozokomiálních nákaz (jedná se o onemocnění, která vznikají v souvislosti s hospitalizací pacientů v nemocničním zařízení). Jedná se ale o život neohrožující infekce (Ryan et al. 2010).

Posledním ze sedmi nejvíce zastoupených rodů je *Azospirillum*, který se nachází ve sladkovodních (Yang et al. 2019) a půdních stanovištích. Je znám svým úzkým vztahem ke kořenům rostlin. Bylo zdokumentováno, že více než 113 druhů rostlin ve 35 různých čeledích mělo užitek ze soužití s druhy rodu *Azospirillum* (Pereg et al. 2016, Alexandre et al. 2017).

Tab. 1. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku zubu ze Semonic (vz. SZ108-3). Identifikováno celkem 435 taxonomických kategorií na úrovni rodu. Tato tabulka zobrazuje prvních 8 ze 435 klasifikací.

Klasifikace rodů	Počet přečtených sekvencí	Celkový počet sekvencí v %
<i>Propionibacterium</i>	140,133	25.10 %
Nezařazeno na úrovni rodu	100,629	18.02 %
<i>Staphylococcus</i>	65,615	11.75 %
<i>Chitinophaga</i>	42,129	7.54 %
<i>Corynebacterium</i>	29,007	5.19 %
<i>Bradyrhizobium</i>	23,421	4.19 %
<i>Sphingomonas</i>	21,135	3.79 %
<i>Azospirillum</i>	14,833	2.66 %



Obr. 7. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku zubu ze Semonic (vz. SZ108-3).

Poznámka: Kategorie „Unclassified“ ve výšečových grafech v této práci je součtem všech klasifikací s méně než 3,5 %.

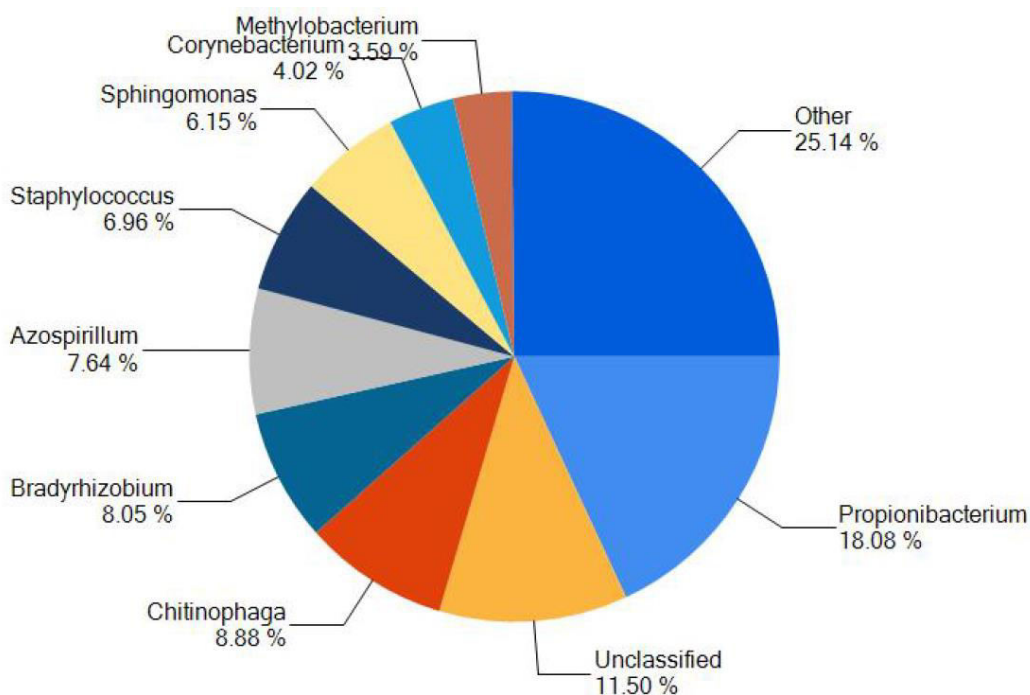
4.1.2 Druhý vzorek

Ve druhém zpracovaném vzorku ze Semonic (vz. SS234), tentokrát odebraném z dutiny břišní, byly nejrozšířenější rody, které si uvedeme níže (Tab. 2., Obr. 8.). Nejvíce se vyskytoval rod *Propionibacterium*. Druhým nejvíce rozšířeným bakteriálním rodem byl rod *Chitinophag*. Následoval rod *Bradyrhizobium*. Čtvrtým nejvíce rozšířeným rodem byl *Azospirillum*. Jako pátý nejčastější rod můžeme uvést *Staphylococcus*. Šestým nejčastějším rodem zjištěným v tomto konkrétním vzorku ze Semonic byl rod *Sphingomonas*. Posledním z nejvíce zastoupených rodů, který si uvedeme, je *Corynebacterium*.

Všechny tyto rody bakterií se shodují s rody nalezenými v prvním vzorku. Rody *Propionibacterium*, *Chitinophaga*, *Bradyrhizobium*, *Azospirillum*, *Staphylococcus*, *Sphingomonas* i *Corynebacterium*, jsou tedy blíže popsány výše, konkrétně u prvního vzorku v kapitole 4.1.1 První vzorek.

Tab. 2. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku půdy ze Semonic (vz. SS234).

Klasifikace rodů	Počet přečtených sekvencí	Celkový počet sekvencí v %
<i>Propionibacterium</i>	54,997	18.08 %
<i>Chitinophaga</i>	27,086	8.90 %
<i>Bradyrhizobium</i>	24,734	8.13 %
<i>Azospirillum</i>	23,305	7.66 %
Nezařazeno na úrovni rodu	21,886	7.19 %
<i>Staphylococcus</i>	21,319	7.01 %
<i>Sphingomonas</i>	19,007	6.25 %
<i>Corynebacterium</i>	12,951	4.26 %



Obr. 8. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku půdy ze Semonic (vz. SS234).

4.1.3 Třetí vzorek

Třetím zpracovaným vzorkem byl vzorek z Hostivice, odebraný ze zubu (vz. HZ1399). V této kapitole uvádím podrobněji sedm nejrozšířenějších rodů (Tab. 3., Obr. 9.). Nejčastěji se vyskytoval rod *Caulobacter*. V rodě *Caulobacter* nalezneme aerobní, gramnegativní bakterie, obvykle tyčkovitého nebo vřetenovitého tvaru, vyznačující se přítomností stopky. Tyto bakterie se primárně nacházejí ve vodním prostředí. Jejich

přítomnost byla potvrzena také v půdě a střevním traktu mnohonožek. V literatuře existuje jen velmi málo publikovaných zpráv popisujících izolaci rodu *Caulobacter* z lidského těla, kde způsobily infekci. Nicméně jeden z případů meningitidy u dětského pacienta po neurologické operaci je připisován právě bakteriím z rodu *Caulobacter* (Bridger et al. 2012). Zástupce tohoto rodu, *Caulobacter crescentus*, je známý jako důležitý modelový organismus pro studium regulace buněčného cyklu, asymetrického dělení buněk a buněčné diferenciaci (Collier 2019).

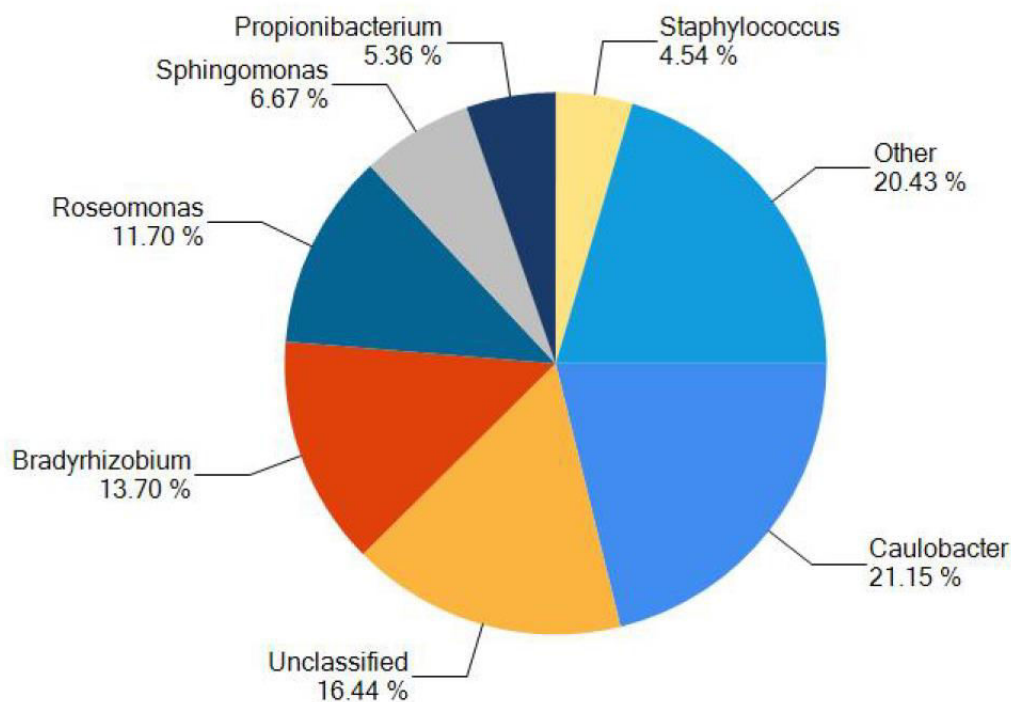
Druhým nejvíce početným rodem byl rod *Bradyrhizobium*, popsáný výše v kapitole 4.1.1 První vzorek. Následoval rod *Roseomonas*. Tento rod v současné době zahrnuje 15 platných druhů. Některé druhy *Roseomonas* byly izolovány z klinických vzorků, jako je krev a rány, a jiné ze zdrojů prostředí včetně vzduchu, vody a půdy. O některých druzích tohoto rodu je známo, že jsou původci oportunních infekcí člověka. Jedná se především o *R. mucosa* a *R. guardii*. Uvádí se, že tyto bakterie mají pro člověka nízký patogenní potenciál, závažné infekce se mohou objevit jen u pacientů se sníženou imunitou (Wang et al. 2012).

Čtvrtým nejvíce rozšířeným rodem byl *Sphingomonas*, pátým potom rod *Propionibacterium*, oba jmenované rody jsou blíže popsány v kapitole 4.1.1 První vzorek. Šestým nejčastěji se objevujícím rodem byl *Staphylococcus*, popsáný v téže kapitole.

Posledním jmenovaným rodem z tohoto vzorku je *Micrococcus*, charakterizovaný jako grampozitivní, nespórotvorný, aerobní, nepohyblivý kok. Druhy tohoto rodu byly izolovány z různých prostředí, jako například z nástěnné malby, z půdy, vzduchu, aktivovaného kalu nebo z kořenů rostlin (Chittipurna et al. 2011). *Micrococcus* je také součástí lidské mikroflóry, například na povrchu pokožky se nachází *Micrococcus luteus* (Guerra et al. 2019).

Tab. 3. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1399).

Klasifikace rodů	Počet přečtených sekvencí	Celkový počet sekvencí v %
<i>Caulobacter</i>	48,345	21.15 %
<i>Bradyrhizobium</i>	31,335	13.71 %
Nezařazeno na úrovni rodu	28,417	12.43 %
<i>Roseomonas</i>	26,772	11.71 %
<i>Sphingomonas</i>	15,367	6.72 %
<i>Propionibacterium</i>	12,284	5.37 %
<i>Staphylococcus</i>	10,973	4.80 %
<i>Micrococcus</i>	6,074	2.66 %



Obr. 9. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku odebraného ze zubu v Hostivici (vz. HZ1399).

4.1.4 Čtvrtý vzorek

Čtvrtý zpracovaný vzorek (vz. HZ1487B) pochází ze zubu z Hostivického pohřebiště. Mezi sedm nejrozšířenějších rodů z tohoto vzorku patří bakterie uvedené níže v této kapitole (Tab. 4., Obr. 10.).

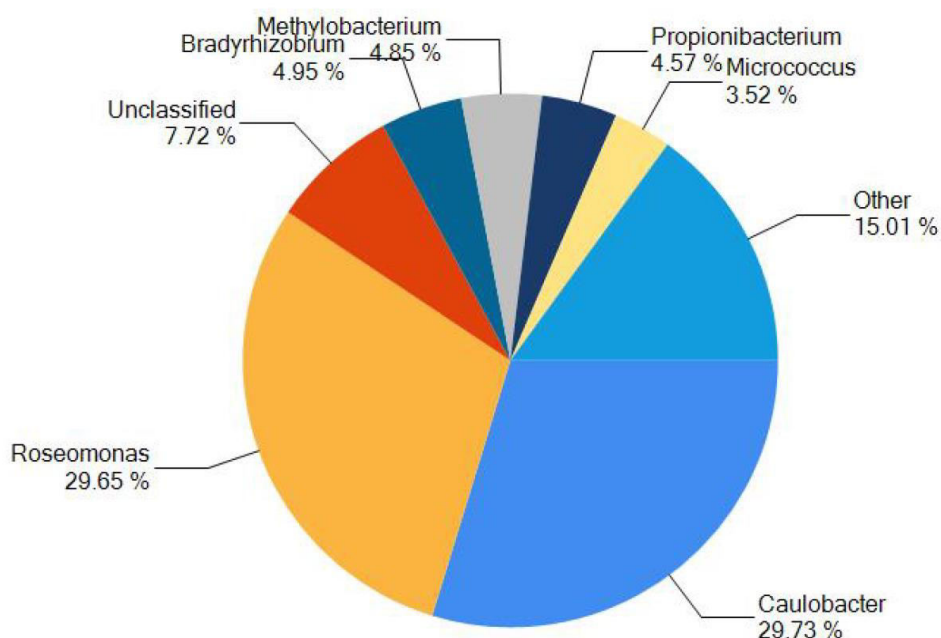
Rodem, který se vyskytoval nejčastěji, byl *Caulobacter*. Druhým nejvíce se vyskytujícím rodem byl rod *Roseomonas*. Na třetím místě se umístil rod *Bradyrhizobium*. Tyto tři rody se vyskytovaly již u třetího vzorku, jsou tedy blíže popsány výše, konkrétně v kapitole 4.1.3 Třetí vzorek.

Čtvrtým nejvíce rozšířeným rodem byl rod *Methylobacterium*. Tento rod má nyní více než 50 platně publikovaných druhů. V přírodě jsou zástupci tohoto rodu všudypřítomné. Běžně se tedy vyskytují v atmosféře, půdě, na povrchu listů rostlin i na dalších jejich částech. Někteří zástupci mohou produkovat látky podporující růst rostlin. Jen velmi zřídka se *Methylobacterium* nachází v klinických vzorcích jako oportunní patogen. Někteří zástupci rodu *Methylobacterium* jsou považovány za součást přirozené mikrobioty člověka (Green a Ardley 2018).

Jako pátý nejčastější rod můžeme uvést *Propionibacterium*, jako šestý *Micrococcus*, a sedmý *Staphylococcus*. *Propionibacterium*, *Micrococcus* i *Staphylococcus* jsou podrobněji popsány výše, konkrétně v kapitolách 4.1.3 Třetí vzorek, a 4.1.1 První vzorek.

Tab. 4. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1487B).

Klasifikace rodu	Počet přečtených sekvencí	Celkový počet sekvencí v %
<i>Caulobacter</i>	48,021	29.73 %
<i>Roseomonas</i>	47,960	29.69 %
<i>Bradyrhizobium</i>	8,015	4.96 %
<i>Methylobacterium</i>	7,866	4.87 %
<i>Propionibacterium</i>	7,405	4.58 %
<i>Micrococcus</i>	6,084	3.77 %
Nezařazeno na úrovni rodu	5,742	3.55 %
<i>Staphylococcus</i>	4,804	2.97 %



Obr. 10. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodu u vzorku odebraného ze zubu v Hostivici (vz. HZ1487B).

4.1.5 Pátý vzorek

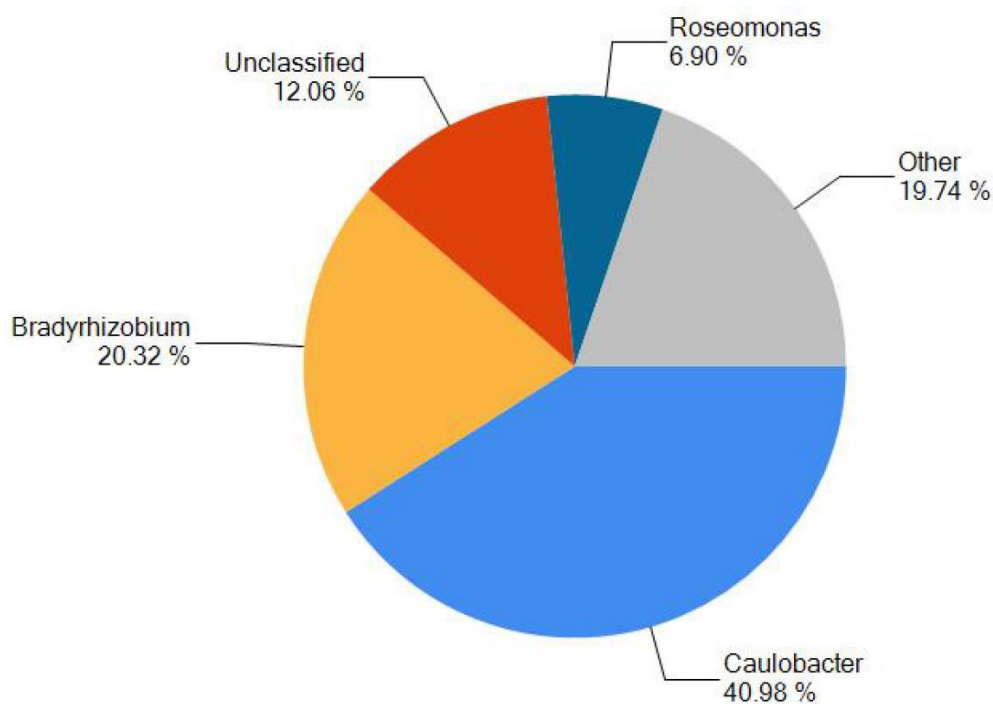
U vzorku z Hostivice, odebraného ze zubu (vz. HZ1491), uvádím podrobněji sedm nejrozšířenějších rodu (Tab. 5., Obr. 11.). Nejvíce se vyskytoval rod *Caulobacter*, následovaný druhým nejvíce rozšířeným bakteriálním rodem, kterým byl rod *Bradyrhizobium*. Třetí se umístil rod *Roseomonas*. Čtvrtým nejvíce rozšířeným rodem bakterií byl rod *Propionibacterium*. Pátým nejčastějším rodem byl rod *Micrococcus*, šestým potom rod

Chitinophaga. Na sedmém místě našeho žebříčku najdeme rod *Sphingomonas*.

Všechny tyto rody bakterií již byly popsány výše. Rody *Bradyrhizobium*, *Propionibacterium*, *Chitinophaga* a *Sphingomonas* podrobněji rozebírám v kapitole, 4.1.1 První vzorek. Podrobnosti o rodech *Caulobacter*, *Roseomonas* a *Micrococcus* jsou uvedeny v kapitole, 4.1.3 Třetí vzorek.

Tab. 5. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1491).

Klasifikace rodů	Počet přečtených sekvencí	Celkový počet sekvencí v %
<i>Caulobacter</i>	114,278	40.98 %
<i>Bradyrhizobium</i>	56,698	20.33 %
Nezařazeno na úrovni rodu	21,351	7.66 %
<i>Roseomonas</i>	19,268	6.91 %
<i>Propionibacterium</i>	9,521	3.41 %
<i>Micrococcus</i>	6,651	2.38 %
<i>Chitinophaga</i>	6,043	2.17 %
<i>Sphingomonas</i>	5,882	2.11 %



Obr. 11. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku odebraného ze zubu v Hostivici (vz. HZ1491).

Tab. 6. Přehled patogenů identifikovaných v zubu ze Semonic (vz. SZ 108-3).

Řád bakterií	OTU	H.sapiens	Patogen	Poznámka
<i>Staphylococcus</i>	154437638	+	+	Mikroflóra kůže i sliznic, <i>S. aureus</i> záněty kůže až sepse (Van Belkum et al. 2009).
<i>Capnocytophaga</i>	3524148	+	+	Orální oportunistický patogen (McGuire a Nunn 1996).
<i>Mannheimia</i>	2184905	+	+	Sekundární infekce při zápalu plic, patogen u skotu (Snyder a Credille 2020).
<i>Streptobacillus</i>	2149546	+	+	Horečka potkanů, Haverhillova horečka (Elliott 2007).
<i>Mycoplasma</i>	2079270	+	+	Půda, rostliny, hmyz, respirační a urogenitální infekce (Shimizu 2015).
<i>Actinobacillus</i>	1904048	+	+	Běžný výskyt v dýchacích cestách, podílí se na sinusitidě, bronchopneumoni a meningitidě (Uchida-Fujii et al. 2019).
<i>Haemophilus</i>	1618083	+	+	Dětská epiglottitida (otok v krku), pneumonie, hnisavé respirační infekce a meningitidy (Terrat et al. 2020; Baron et al. 2020).
<i>Inquilinus</i>	597910	+	+	Dýchací cesty, souvisí s cystickou fibrózou (McHugh et al. 2016).
<i>Deltaproteobacteria</i>	888056		+	Intracelulární patogen prasat (Wang et al. 2013).
<i>Pseudoclavibacter</i>	514825	+	+	Souvisí s chronicky obstrukční plicními nemocemi (Lemaitre 2011).
<i>Peptoclostridium</i>	381211	+	+	Pseudomembranózní kolitida (zánět tlustého střeva), nozokomiální infekce (vznikají v souvislosti s hospitalizací pacientů), (Luo et al. 2016).
<i>Ochrobactrum</i>	348044	+	+	<i>O. anthropi</i> kolonizuje dýchací cesty a rány a následně může způsobit celou řadu oportunních infekcí (Ryan a Pembroke 2020).
<i>Cellulosimicrobium</i>	343197	+	+	Zřídka patogenní, infikují imunokompromitované pacienty (Monticelli et al. 2019).
<i>Vibrio</i>	336507		+	Cholera, gastroenteritida, sepse (Soomro a Junejo 2004; Makino et al. 2003).
<i>Serratia</i>	287527	+	+	Někdy neškodná, může ale souviset s infekcí dýchacích cest (Grimont a Grimont 1978).

Čeleď				
<i>Burkholderiaceae</i>	262492	+	+	Vozhřivka, Melioidóza (Carrión et al. 2018).
<i>Bartonella</i>	186091	+	+	Krevní cévy, oportunní patogen už izolováno jako aDNA z 4000 starého lidského zubu (Drancourt et al. 2005).
<i>Burkholderia-parabur</i>	161035		+	Oportunní patogen (Sen-yang et al. 2019).
<i>Photorhabdus</i>	150024		+	Vzácně nakažlivé pro lidi, také symbiont hlístic, zabijí hmyz (Clarke 2020).
<i>Dermatophilus</i>	41430	+	+	Dermatofilóza (bahenní horečka), (Horadagoda et al. 2020).
<i>Tyzzereella</i>	32436	+	+	Možná souvislost s Crohnovou chorobou (Kulinich et al. 2020).
<i>Jonesia</i>	20018		+	Zvířecí patogen (Pukal et al. 2009).

Tab. 7. Přehled patogenů identifikovaných v zubu z Hostivic (vz. HZ 1399).

Řád bakterií	OTU	H. sapiens	Patogen	Poznámka
<i>Staphylococcus</i>	43768758	+	+	Mikroflóra kůže i sliznic, <i>S. aureus</i> záněty kůže až sepse (Van Belkum et al. 2009).
<i>Haemophilus</i>	3242165	+	+	Dětská epiglottitida (otok v krku), pneumonie, hnisavé respirační infekce a meningitidy (Terrat et al. 2020; Baron et al. 2020).
<i>Peptoclostridium</i>	381211	+	+	Pseudomembranózní kolitida (zánět tlustého střeva), nozokomiální infekce (vznikají v souvislosti s hospitalizací pacientů), (Luo et al. 2016).
<i>Gallibacterium</i>	364178	0	+	Kuřecí patogen (Van Driessche et al. 2020).
<i>Christensenellaceae</i>	363702	+	0?	Spojována spojena se snížením tělesné hmotnosti – myš, člověk (Li et al. 2020).
<i>Cellulosimicrobium</i>	343197	+	+	Zřídka patogenní, infikují imunokompromitované pacienty (Monticelli et al. 2019).
<i>Inquilinus</i>	332870	+	+	Dýchací cesty, souvisí s cystickou fibrózou (McHugh et al. 2016).

<i>Bosea</i>	329109	+	+	Oxidace thiosíranu, potenciální příčina nozokomiálních infekcí (vznikají v příčinné souvislosti s hospitalizací pacientů), (Skipper et al. 2019).
<i>Moraxella</i>	246795	+	+	Spojivky a nasolakrimální kanálky králíků, ale onemocnění je vzácné (Marini et al. 1996).
<i>Bartonella</i>	186091	+	+	Krevní cévy, oportunní patogen už izolováno jako aDNA z 4000 starého lidského zubu (Drancourt et al. 2005).
<i>Serratia</i>	163878	+	+	Někdy neškodná, může ale souviset s infekcí dýchacích cest (Grimont a Grimont 1978).
<i>Flexispira</i>	160692	+	+	Jehňata s fokální jaterní nekrózou (Crawshaw a Fuller 1994).
<i>Capnocytophaga</i>	155289	0	+	Orální oportunistický patogen (McGuire a Nunn 1996).
<i>Slackia</i>	50039	+	+	Extraorální a orální infekce (Coker et al. 2018).
<i>Brevinema</i>	42593	0	+	Spirocheta izolovaná z rejska a amerického křečička <i>Peromyscus leucopus</i> (Defosse et al. 1995).
Čeleď				
<i>Leptospiraceae</i>	12908	0	+?	Spirochéty – patogenní, saprofytické a přechodné druhy (Levett 2015).
<i>Novispirillum</i>	11583	0	0	Vodní patogen pro larvy komárů (Tranchida et al. 2012).
<i>Dermatophilus</i>	8453	+	+	Dermatofilóza (tzv. bahenní horečka), (Zaria 1993).
<i>Ochrobactrum</i>	8195	+	+	<i>O. anthropi</i> kolonizuje dýchací cesty a rány a následně může způsobit celou řadu oportunních infekcí (Ryan a Pembroke 2020).
<i>Pseudoclavibacter</i>	3551	+	+	Obstrukční plicní patogen (Li et al. 2016).

5 DISKUSE

Odběr vzorků byl v obou lokalitách identický, uskutečnil se z mrtvých těl. Vzorky byly odebrány ze dvou historických, tedy již staletí nevyužívaných, pohřebišť. První pohřebiště v Semonicích pochází asi z 2. poloviny 18. století, druhé pohřebiště v Hostivici asi z 2. poloviny 16. až 1. poloviny 17. století.

Lidský posmrtný mikrobiom se skládá ze dvou složek: thanatomikrobiomu a epinecrotických mikrobiálních komunit. Thanatomikrobiom tvoří mikroby nalezené po smrti ve vnitřních orgánech a v tělních tekutinách. Epinecrotic mikrobiom je oproti tomu tvořen mikroorganismy, které se nacházející na povrchu rozkládajících se zbytků těl. Mikroorganismy, nacházející se v okolí vnitřních orgánů, jsou méně ovlivněny podmínkami okolního prostředí, než ty mikroby, které jsou součástí epinecrotic mikrobiomu a od samého začátku s okolním prostředím interagují (Zhou a Bian 2018; Spagnolo et al. 2019). Vzorky ze Semonického pohřebiště byly odebrány ze zubu, a ileocekální oblasti. Můžeme tedy říci, že máme jeden vzorek obsahující thanatomikrobiom, jelikož byl odebrán z dutiny břišní, kde se vyskytuje množství vnitřních orgánů. Druhý ze Semonických vzorků by mohl být osídlen epinecrotickým mikrobiomem, protože zuby zemřelého se dostávají do kontaktu s okolní půdou brzy po pohřbu (Spagnolo et al. 2019).

Odběr vzorků na Semonickém pohřebišti se uskutečnil z těl dvou různých jedinců. Každý člověk má svůj vlastní unikátní mikrobiom, který je ovlivněn různými faktory. Záleží například na stravě, věku, pohlaví, či zdravotním stavu (Wójcik et al. 2021). K předpokladu, že se vzorek odebraný ze zubu bude zastoupením bakteriálních taxonů lišit od vzorku odebraného z dutiny břišní, mě vedla také práce Dashe a Dase (2020), která poukazuje na fakt, že každá část lidského těla má své charakteristické dominantní taxony bakterií. Dash a Das (2020) také tvrdí, že největší koncentrace bakterií je ve slinách. Vycházím z předpokladu, že zub ze vzorku v Semonicích přicházel za života zemřelého se slinami do kontaktu běžně. Mohli na něm tedy zůstat i bakterie, které se v nich vyskytují. Wójcik et al. (2021) uvádí jako rody bakterií, které se ve slinách vyskytují nejčastěji, tyto: *Streptococcus*, *Veillonella*, *Fusobacterium*, *Neisseria*, *Haemophilus*, *Propionibacterium*, *Eikenella*, *Peptostreptococcus* a *Eubacteria*. Ve druhém ze vzorků, odebraném z dutiny břišní bychom dle Wójcika et al. (2021) mohli očekávat některé z níže uvedených bakterií, které jsou běžnou součástí lidského mikrobiomu ve střevech, jedná se o *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Fusobacterium*, *Eubacterium*, *Ruminococcus*, *Enterobacter*, *Escherichia coli*, *Staphylococcus*, *Klebsiella* a

Proteus.

Z výše uvedených důvodů by se tedy dalo očekávat, že tyto dva Semonické vzorky budou diametrálně odlišné, co se týká taxonomického složení populace bakterií, i její početnosti. Tato práce ale prokázala opak. Bylo zjištěno, že taxonomické zastoupení bakterií ze vzorku zubu z pohřebiště v Semonicích, se oproti vzorku odebranému z dutiny břišní v téže lokalitě neliší. Všechny sedm nejčastěji zastoupených rodů bakterií v prvním vzorku se shoduje s rody nalezenými ve vzorku druhém. Po nahlédnutí do tabulek v kapitole 4 Výsledky, konkrétně (Tab. 1. a Tab. 2.) je patrné, že se rody bakterií liší pouze pořadím, tedy početností, nikoli zastoupením jiných taxonů. Rody *Propionibacterium*, *Chitinophaga*, *Bradyrhizobium*, *Azospirillum*, *Staphylococcus*, *Sphingomonas* i *Corynebacterium*, které jsou blíže popsány v kapitole 4.1.1 První vzorek, se s očekávanými bakteriemi dle Wójcika et al. (2021) příliš neshoduje. Shoda byla zaznamenána u rodu *Propionibacterium*, tento rod lze dle Wójcika et al. (2021) očekávat ve slinách, a rodu *Staphylococcus*, který je běžnou součástí lidského mikrobiomu ve střevech (Wójcik et al. 2021). Zástupci rodu *Propionibacterium* bývají obvykle fakultativními parazity a symbionty vyskytující se u člověka i jiných živočichů. Nalézají se v potních a mazových žlázách, v jejich okolí a osidlují také kůži, kde jsou součástí běžné kožní mikrobioty (Bojar a Holland 2004). Jedná se o všudypřítomné bakterie, které většinou lidí nezpůsobují problémy, naopak se podílí na udržování zdravé pokožky. V některých případech se může *Propionibacterium* chovat jako oportunní patogen a může způsobit *Acne vulgaris*, což je chronické zánětlivé onemocnění mazových žláz (Dréno et al. 2018). Rod *Staphylococcus* zahrnuje asi 40 druhů (Haris et al. 2002). Mnoho druhů nezpůsobuje onemocnění a je součástí normální mikroflóry zvířat a lidí (Jacquemyn 2013). Jsou také běžnou složkou půdního mikrobiomu (Singh et al. 2018).

Oba tyto rody se ale objevily v obou odebraných vzorcích. Můžeme tedy říci, že nehrálo roli místo odběru vzorku (zub x dutina břišní), Thanatomikrobiom ani epinecrotic mikrobiom, a nic na výsledku nezměnil ani fakt, že každý ze vzorků byl odebrán z těla jiného mrtvého jedince. Jedná se o běžné rody, které jsou prakticky všudypřítomné a v případě rodu *Staphylococcus* i běžnou součástí půdního mikrobiomu (Dréno et al. 2018; Singh et al. 2018). Proto je zde prostor pro názor, že by byly tyto rody zastoupeny v půdě v Semonicích i v případě, že by zde nebylo historické pohřebiště a souvislost výskytu těchto bakterií s lidskými ostatky nebyla spolehlivě prokázána.

Všechny vzorky odebrané na pohřebišti v Hostivici pocházejí ze zubů. Zde tedy nebyl předpoklad pro rozmanitost taxonů bakterií tak velký, jako u Semonického vzorku. Přesto se zde dala jistá různorodost očekávat, protože se, stejně jako v případě Semonic, jednalo o

různé jedince, kterým byly zuby odebrány. Ve všech třech vzorcích v Hostivici, se tyto rody bakterií: *Caulobacter*, *Bradyrhizobium*, *Roseomonas*, *Propionibacterium* a *Micrococcus* objevily mezi sedmi nejčastěji zastoupenými bakteriálními rody (Tab. 3., Tab. 4., Tab. 5. kapitola 4.1). U dvou ze tří vzorků byly zaznamenány rody *Sphingomonas* a *Staphylococcus*. Tyto vzorky z Hostivice se lišily ve dvou nejčastěji zastoupených rodech, konkrétně se jednalo o rod *Methylobacterium*, který se objevil pouze ve čtvrtém vzorku (kapitola 4.1.4 Čtvrtý vzorek, Tab. 4.), a rod *Chitinophaga*, které byly nalezeny jen v pátém vzorku (kapitola 4.1.5 Pátý vzorek, Tab. 5.). Rod *Methylobacterium* je rodem všudypřítomným, převážně se jedná o bakterie půdní, ale mohou být i součástí lidského mikrobiomu (Green a Ardley 2018). *Chitinophaga* je rodem půdním, ale může se vyskytovat i u člověka (Crémet et al. 2009).

Ačkoliv se tyto rody bakterií neobjevovaly jako nejrozšířenější bakteriální taxony ve všech vzorcích z Hostivice, nemůžeme říci, že by v ostatních vzorcích z Hostivice nebyly zaznamenány vůbec, jen se nevyskytovaly v takové míře, aby byly zahrnuty do tabulky s nejčastěji zastoupenými rody. Je patrné, že se taxonomické složení bakterií napříč vzorky z Hostivice v podstatě neliší.

Zdá se, že pro klasifikaci taxonomického složení populace bakterií na historickém pohřebišti není rozhodující, ze které části těla mrtvého byl odběr vzorku proveden. Faktory uvedené výše zřejmě po staletích ztrácejí na důležitosti. V mírném podnebném pásu, tedy i na území námi zvolených lokalit, dochází k dokončení procesu rozkladu těla přibližně po uplynutí deseti let od pohřbu do země. Tělo v posledním stádiu rozkladu vysychá a po dekompozici zůstávají již jen kosti a vlasy (Shirley et al. 2011).

Klíčovou otázkou zůstává, zda se nejčastěji zastoupené rody bakterií nalezených na pohřebišti v Semonicích liší oproti pohřebišti v Hostivici. Výše bylo prokázáno, že se jedná o bakterie půdní, naopak se nepotvrdilo, že by hrálo roli konkrétní místo na lidském těle, ze kterého byl vzorek odebrán, nebo jedinec jako takový. Tím se nám nabízí hypotéza, založená na předpokladu, že zastoupení rodů bakterií je ovlivněno přírodními podmínkami, které panují v dané lokalitě. Lokality jsou od sebe vzdáleny 118,91 km vzdušnou čarou [5]. Obě lokality disponují podobnou nadmořskou výškou (Hostivice se nacházejí v nadmořské výšce 341 m n. m. [2], Semonice v nadmořské výšce 260 m n. m. [3]). Lokality se vzájemně liší svou příslušností do dvou různých biogeografických regionů. Hostivice se nachází na území Řípského bioregionu, Semonice v Cidlinsko - chrudimském bioregionu (Culek et al. 1996). Podrobněji jsou rozebrány rozdíly mezi těmito bioregiony v kapitolách 3.1.1 Hostivice a 3.1.2 Semonice. Obecně lze ale říci, že v Hostivici je oproti Semonicím menší roční úhrn srážek a vyšší průměrná teplota. Dalším rozdílem, který by mohl ovlivnit taxonomické zastoupení

bakterií, je půdní typ. Podle klasifikačního systému půd České republiky je půdním typem v Hostivici černozemě, kdežto v Semonících fluvizemě (Bičík et al. 2009), podrobněji jsou půdní typy rozebrány v kapitolách 3.1.1 Hostivice a 3.1.2 Semonice.

Rody *Propionibacterium*, *Chitinophaga*, *Bradyrhizobium*, *Staphylococcus* a *Sphingomonas* (popsány výše v kapitole 4.1.1 První vzorek) se zařadily mezi nejčastěji zastoupené rody jak v Hostivici, tak i v Semonících. Zatímco rody *Azospirillum* a *Corynebacterium* (popsány výše v kapitole 4.1.1 První vzorek), se mezi nejčastěji zastoupené rody zařadily pouze v Semonících, a rody *Caulobacter*, *Roseomonas*, *Micrococcus* a *Methylobacterium* (popsány výše v kapitole 4.1.3 Třetí vzorek a 4.1.4 Čtvrtý vzorek) pouze v Hostivici. Při vzájemném porovnání vzorků z obou lokalit, jsou patrné početní rozdíly u nejvíce se vyskytujících bakterií, nicméně jejich taxonomické zastoupení se příliš neliší.

Bylo tedy prokázáno, že početnost rodů bakterií, získaných z historických pohřebišť se mnohem více liší ve dvou rozdílných lokalitách, než v rámci jedné lokality ale odlišného místa odběru vzorku z mrtvého těla. Z tohoto důvodu usuzuji, že u takto starých pohřebišť se z lidských ostatků thanatomikrobiom na úkor epinecrotic mikrobiomu vytrácí a roli v utváření společenstev půdních bakterií hraje spíše prostředí.

Dosud neexistuje mnoho podobných, publikovaných studií, které bych mohla využít při porovnání se svou prací. Jediný screening půdních bakterií byl proveden na dvou jihoafrických hřbitovech, velkým rozdílem oproti lokalitám v Hostivici a Semonících je ale fakt, že hřbitovy v Africe jsou nadále fungující a tedy využívány pro ukládání stále nových lidských ostatků. Abia et al. (2019) ve své práci označil hřbitovy jako potenciální environmentální rezervoáry patogenních bakterií. Ve vzorcích hřbitovní půdy na hřbitově Maitland v Kapském Městě a na hřbitově Fontein Street v Middelburgu byly jako nejhojnějšími rody *Pseudomonas* a *Corynebacterium*. Dalšími častými rody byl rod *Rhodococcus*, *Prauserella* a *Staphylococcus* (Abia et al. 2019). Výskyt rodů *Corynebacterium* a *Staphylococcus* byl potvrzen i na našich zájmových územích. Ostatní rody se lišily. Roli může hrát odlišné podnebí a složení půdy a samozřejmě také různé stáří pohřebišť.

Kromě běžných půdní bakterií, které se vyskytovaly v hojné míře ve všech analyzovaných vzorcích, (např. *Corynebacterium*, *Acinetobacter*, *Sphingomonas*, *Actinomyces*, *Pseudomonas*, *Streptomyces*, *Chryseobacterium*, *Methylobacterium*, *Roseomonas* a dalších), se u každého vzorku mezi nejčastěji zastoupenými sedmdesáti sledovanými půdními bakteriemi vyskytovaly i takové, které byly pro daný vzorek specifické (kapitola 14 Přílohy, Tab. 1 - 5). U některých se podrobněji zastavím.

Rod *Luteolibacter* v zubu ze Semonic (vz. SZ108-3) byl izolován z půdy tundry poblíž

Ny-Ålesund, souostroví Svalbard, Norsko (Kim et al. 2015), rod *Aestuariimicrobium*, byl nalezen v zemědělské půdě v Xuancheng, provincie Anhui, Čína (Chen et al. 2018), v zubu z Hostivice (vz. HZ1399) byl identifikován rod *Hymenobacter*, získaný poprvé z pískovce a půdy z antarktických suchých údolí (Hirsch et al. 1998), rod *Actinocorallia* byl nalezen v přírodní jeskyni v Jeju v Korei (Lee 2006). Rod *Curtobacterium* byl izolován z půdy ženšenového pole v Jižní Koreji (Kim et al. 2008), rod *Amphiplicatus* termotolerantní, nesporetvorná a přísně aerobní bakterie, byla izolována z horkého pramene Guhai v kraji Jimsar v provincii Xinjiang v severozápadní Číně (Zhen-Li et al. 2014). Vzhledem k tomu, že v případě *Amphiplicatus* by se mělo jednat o nesporetvornou bakterii je otázka, zda byla izolována historická ancient DNA, nebo živá bakterie. U mnohých zachycených bakterií, zvláště u lidských patogenů, lze předpokládat, že byly zachyceny ve formě spor, přežívajících stovky let. Avšak v tomto případě tomu asi tak nebude.

Další rod ojedinělých bakterií nemusí být půdní, jedná se o *Leuconostoc*, což je spíše bakterie mléčného kvašení a byla poprvé izolována z ovoce liči na Tchaj -wanu (Chen et al. 2020). Z půdy ze Semonic (vz. SS234) byl identifikován rod *Gaiella*, který byl poprvé získán z hluboké minerální vody v Portugalsku (Albuquerque et al. 2011). Rod *Nevskia* je opět bez větších pochyb půdní a byl izolován z půdy v Korei (Kim et al. 2011). I mnohé další bakterie jsou známy spíše z Asie, uveďme namátkou ještě tři případy. Ze zubu z Hostivice (vz. HZ1487B) byl identifikován rod nalezený na Tibetské plošině (He et al. 2020), ze zubu z Hostivice (vz. HZ1491) byl nalezen rod *Planctomyces* izolovaný z pobřežní mokřiny boreálního jezera na ostrově Valaam v severním Rusku (Kulichevskaya et al. 2015), rod *Gluconacetobacter* byl nalezen také na pohřebišti, ale na Takamatsuzuka Tumulus ve vesnici Asuka, prefektura Nara, Japonsko v 2007 (Nishijima et al. 2013). Zřejmě je tím potvrzena celosvětová distribuce většiny bakterií, včetně mnohých, které se vyskytují omezeněji, přesto je můžeme nalézt na mnoha lokalitách planety. Chybí samozřejmě podobné práce z dalších oblastí světa, aby mohly být vytvořeny jednoznačnější závěry. Tato zjištění přesahují oblast pohřebišť, ale týkají se celosvětového výzkumu půdního edafonu.

Patogeny se podařilo časově zpracovat u dvou vzorků, v obou případech se jedná o bakterie z vnitřku zubů, jeden je ze Semonic Tab. 6. (vz. SZ 108-3) a druhý z Hostivice Tab. 7. (vz. HZ 1399). V obou případech převážně nejde o nebezpečné bakterie, jejich patogenita je tzv. oportunní, ta se vyskytuje u bakterií, které jsou normálně přítomné v lidské mikroflóře, ale za určitých okolností se stanou škodlivé. Typický příklad je *Staphylococcus aureus* přibližně 30 % všech lidí má stafylokokové bakterie stále v nosohltanu případně na jiných místech těla. Hostitel o nich většinou neví. To znamená, že během evoluce došlo ke stavu

vzájemného soužití, nebo tolerance. Avšak při narušení tohoto vyváženého a neutrálního stavu může dojít k lokalizované nebo diseminované (rozptýlené) invazivní infekci (Van Belkum et al. 2009). Rod *Staphylococcus* je ostatně téměř u všech sledovaných vzorků jako jeden z nejvíce se vyskytujících rodů, což svědčí jednak o tom, že rod *Staphylococcus* je vysoce rozšířený v lidském těle a také o tom, že tyto bakterie přežívají v půdě stovky let. Tento rod zahrnuje 40 druhů, nejznámější je *Staphylococcus aureus* širokým výskytem nejen u člověka, ale např. i u drůbeže (Moo-Young 2019). Avšak ostatní druhy rodu *Staphylococcus* nejsou pro člověka nebezpečné. Vzhledem k tomu, že byl silně zastoupen i ze vzorku z břišní dutiny, lze usuzovat, že se ostatní druhy neomezují jen na nosní dutinu jako u *Staphylococcus aureus* (Van Belkum et al. 2009). Ale je také pravděpodobné, že výskyt bakterií se už málo vztahuje k jejich místu na živém těle, zde se jedná o situaci vzniklou dlouho po uložení těla do hrobu, kde lokálních posun bakterií, či jejich sporulujících forem je pravděpodobný.

U obou vzorků byl identifikován rod *Capnocytophaga*, což je další příklad oportunního patogenu, který je za normálních okolností neškodný a projevuje se u lidí se sníženou imunitou jako původce infekcí zubů (McGuire a Nunn 1996). Kmeny *Capnocytophaga* byly častěji izolovány ve vzorcích od dětí s onkologickými onemocněními (71 %), ale jiného typu než je leukémie (Jolivet-Gougeon et al. 2008). Avšak bylo možno nalézt i nebezpečnější patogeny. Je to zejména rod *Vibrio*, kde se nepodařilo bohužel určit druh, zde existuje více druhů různě nebezpečných pro člověka, ale také druhy neškodné. Nejznámější druh je *Vibrio cholerae*, který se šíří vodou (Soomro a Junejo 2004) a způsobuje gastroenteritidu (infekční průjem). Další nebezpečný je *Vibrio vulnificus*, který způsobuje septikémii, gastroenteritidu a infekce ran, navíc může způsobovat i oční infekce ohrožující zrak (Penland et al. 2000). *Vibrio parahaemolyticus* je gramnegativní mořská bakterie, která je v současnosti celosvětovou příčinou gastroenteritidy přenášené potravinami (Makino et al. 2003). Byl také popsán druh *Vibrio carchariae*, který je vážným patogenem mořských ryb a bezobratlých (Austin a Zhang 2006). Bohužel nevíme, který z druhů se podařilo zachytit.

Dalším slabým patogenem je rod *Haemophilus* zachycený u obou vzorků. Častou infekcí je druh *Haemophilus influenzae*, který způsobuje běžná, ale někdy závažná onemocnění dospělých a dětí včetně chronické obstrukční choroby dýchacích cest, zánětu středního ucha a infekcí centrálního nervového systému (Terrat et al. 2020). Ve vzorku z Hostivice se podařilo identifikovat i druh *Haemophilus parainfluenzae*, který je častou příčinou infekcí dýchacích cest (Baron et al. 2020), přestože někdy může způsobit i endokarditidu, což je zánět vnitřní výstelky srdce (Lee et al. 1996), lze předpokládat, že u obou jedinců šlo spíše o lehké nachlazení. Podobně rod *Bartonella*, je další typická oportunní

infekce, která se někdy může vyvinout ve vážné projevy, ale obvykle je téměř neškodná, zde je zajímavé zjištění, že je již dlouho lidským průvodcem, DNA byla izolována už v 4 000 let starém lidském zubu (Drancourt et al. 2005). Tato práce tedy není první, která identifikovala tento rod v archeologizovaném lidském zubu.

Interpretační problém představují nalezené spirochety. Tady se v jednom případě podařilo určení jen úrovni čeledi (*Burkholderiaceae*), (Tab. 6.), takže nelze říci, zda mohlo jít o vážnější infekci, nebo o neškodné druhy a v druhém případě jde o spirochety z rodu *Brevinema*, které byly izolovány z rejseka krátkoocasého (*Blarina brevicauda*) a amerického křečička bělonohého (*Peromyscus leucopus*), (Defosse et al. 1995). Je tedy otázkou, zda se tam tyto spirochety dostaly s potravou, nebo infikují také člověka.

Další oportunní infekce jako rod *Bosea*, *Ochrobactrum*, *Actinobacillus*, *Mycoplasma* atd. představují běžné bakteriální osídlení a není asi nutné je podrobně rozebírat. Ale zastavme se u některých rodů, které mohou představovat souvislost s potravou, asi nelze u vesničanů z doby před několika staletími předpokládat důkladné čištění chrupu. Je to zejména rod *Gallibacterium*, zde je znám druh *Gallibacterium anatis*, což je opět oportunní patogen, spojovaný s úmrtím drůbeže, domácích ptáků a příležitostně lidí a asi se jedná i o respirační patogen skotu (Van Driessche et al. 2020). Lze si tedy u vesničana snadno představit přenos na člověka ať už jídlem, nebo jiným způsobem. Podobně rod *Flexispira*, je znám od ovcí, ale může souviset i s lidskou gastroenteritidou (Schauer et al. 1993). Nebo rod *Jonesia*, který je klasifikován jako patogenní organismus pro zvířata, konkrétně pro obratlovce (Pukall et al. 2009). Do kategorie zoonóz asi můžeme zařadit i rod *Moraxella*, který byl izolován ve velké míře ze zánětu spojivek u králíků, ale je nutno připomenout, že tam dominovala celá škála dalších i v této práci zmiňovaných bakterií, zejména *Staphylococcus aureus*, nespecifikované bakterie *Staphylococcus*, ale i zde nezmiňované *Oligella urethralis* a *Streptococcus viridans*, či nespecifikované druhy *Neisseria* (Marini et al. 1996). Jako zoonózu lze asi také klasifikovat i rod *Novispirillum*, který mohl člověk získat z vody, tento rod je uváděn jako patogen pro larvy komárů *Culex pipiens*, nicméně jednalo se o výsledek průzkumu drenážních příkopů v příměstských oblastech La Plata, provincie Buenos Aires, Argentina z let 2003 až 2006 a autoři uvádí, že u jiných druhů komárů tato souvislost popsána zatím nebyla (Tranchida et al. 2012). Tato práce naznačuje, že něco podobného může být i u evropských druhů, potvrzení by si však vyžádalo samostatnou studii. Není jasné, zda se jedná o zoonózu infekci rodu *Dermatophilus*, stejně tak je dohad, zda šlo u jedince o něco závažnějšího. Dermatofilóza je akutní, subakutní nebo chronické kožní onemocnění postihující širokou škálu druhů zvířat a lidí, nicméně hlavně ve vlhkých, tropických a subtropických oblastech (Zaria 1993).

Onemocnění se vyskytuje i v našich podmínkách, ale ani zde se nemuselo jednat o něco zdraví ohrožujícího, navíc je pravděpodobné, že se jednalo o bakterii z potravy.

Skutečně závažnější infekci může způsobovat bakterie, kterou se podařilo identifikovat i do druhu a tou je *Streptobacillus moniliformis* u vzorku ze Semonic (Tab. 6.), tato bakterie se stala původcem Haverhillské horečky, která postihla Haverhill v Massachusetts v lednu 1926, jednalo se o infekci z potravin, konkrétně mléka z jedné mlékárny. Nejčastěji se však objevuje po kousnutí potkanem, včetně potkanů chovaných jako domácí mazlíčci (v anglicky psané literatuře se nerozlišuje potkan a krysa a v literatuře o této horečce se obvykle neuvádí vědecký název druhu hlodavce). Horečka z kousnutí krysy způsobená *Streptobacillus moniliformis* je onemocněním charakterizované horečkou, ztuhlostí a polyartralgii, (bolest více kloubů). Pokud se neléčí, nese úmrtnost 10 % (Elliott 2007). V tomto případě nemůžeme rozlišit, zda šlo o infekci z potravy, či po kousnutí hlodavcem, ale jedná se zřejmě o s jistotou jediný závažný nalezený patogen v dosud zkoumaných vzorcích.

6 ZÁVĚR

Byl proveden screening bakterií na dvou vybraných historických pohřebištích v České republice. První lokalita, Hostivice, se nachází ve Středočeském kraji v blízkosti hlavního města Prahy. Druhá lokalita, Semonice, leží v Královéhradeckém kraji a je evidována jako část města Jaroměř. Bylo odebráno a následně zpracováno celkem pět vzorků. Dva vzorky byly odebrány z pohřebiště v Semonicích (asi 2. polovina 18. století), přičemž jeden z těchto vzorků byl získán odběrem půdy z dutiny břišní a druhý ze zubu. Druhou zvolenou lokalitou bylo pohřebiště v Hostivici (asi 2. pol. 16. až 1. pol. 17. století), zde byly odebrány tři vzorky, všechny shodně ze zubů. Vzorky byly zpracovány pomocí metagenomické analýzy. Sekvenování bylo provedeno na přístroji Illumina MiSeq, použitým softwarem byl Isas (Analysis Software) verze 2.6.2.3. Tímto způsobem bylo získáno značné množství dat, které byly následně zpracovány, porovnány a vyhodnoceny.

Pro každý z pěti vzorků byl zhotoven přehled sedmdesáti rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií, a tyto informace byly následně zaneseny do tabulky (kapitola 14 Přílohy, Tab. 1. – 5.). Tabulky mezi sebou byly porovnány, aby bylo možné určit které rody bakterií se vyskytují u všech sledovaných vzorků, které u dvou až tří vzorků, a které rody se vyskytují jen u jednoho konkrétního vzorku. Kromě běžných půdní bakterií, které se vyskytovaly v hojné míře ve všech analyzovaných vzorcích, (např. *Corynebacterium*, *Acinetobacter*, *Sphingomonas*, *Actinomyces*, *Pseudomonas*, *Streptomyces*, *Chryseobacterium*, *Methylobacterium*, *Roseomonas* a dalších), se u každého vzorku mezi nejčastěji zastoupenými sedmdesáti sledovanými půdními bakteriemi vyskytovaly i takové, které byly pro daný vzorek specifické. Jednalo se například o rod *Luteolibacter* v zubu ze Semonice (vz. SZ108-3), dále byl identifikován rod *Hymenobacter* v zubu z Hostivice (vz. HZ1399), nalezen byl například také rod *Planctomyces* v zubu z Hostivice (vz. HZ1491) a další.

V podkapitole 4.1 kapitoly 4 Výsledky, byl podrobněji rozpracován přehled sedmi nejvíce zastoupených rodů bakterií pro každý z pěti vzorků. Cílem bylo ověřit, zda se taxonomické složení a početnost populace bakterií liší v závislosti na místě odběru vzorku z mrtvého těla (zub x dutina břišní), na těle samotném (odlišní jedinci), nebo na lokalitě ze které byl vzorek odebrán (Hostivice x Semonice). Bylo prokázáno, že taxonomické zastoupení bakterií ze vzorku zubu z pohřebiště v Semonicích, se oproti vzorku odebranému z dutiny břišní v téže lokalitě neliší, přestože se odběr vzorků uskutečnil z těl dvou různých jedinců. Taxonomické zastoupení bakterií ve vzorcích získaných z Hostivice, se mezi sebou také významně nelišilo. Při vzájemném porovnání vzorků z obou lokalit, byly prokázány

početní rozdíly u nejvíce se vyskytujících bakterií, nicméně jejich taxonomické zastoupení bylo v obou lokalitách v podstatě shodné.

U dvou vzorků byl zpracován i výskyt patogenních bakterií, výsledky jsou uvedeny v kapitole 4 Výsledky v Tab. 6. a 7. Oba vzorky pocházejí z lidského zubu, jeden byl odebrán v Semonicích (vz. SZ 108-3) a druhý v Hostivici (vz. HZ 1399). Bylo zjištěno, že většina nalezených patogenů je oportunní, tedy podmíněně patogenní. Takové rody bývají běžnou součástí lidského mikrobiomu, ale za určitých okolností se mohou pro organismus stát škodlivými. Jedná se například o *Staphylococcus aureus* nebo rody *Bartonella*, *Capnocytophaga*, *Bosea* nebo rod *Actinobacillus*. Některé z rodů zjištěných oportunních patogenů mohou mít souvislost s potravou, například druh *Gallibacterium anatas* nebo rody *Flexispira* a *Jonesi*. Byl objeven jediný opravdu závažný patogen (úmrtnost 10 %), byl jím *Streptobacillus moniliformis*, který způsobuje horečku potkanů a Haverhillovu horečku.

Podobné práce, které by prováděly screening bakterií na historickém pohřebišti, nebyly zatím provedeny ani publikovány. Jedná se tedy do značné míry o pilotní práci. Získaná data by měla být dále podrobněji zpracována a nabyté poznatky utříděny, aby mohly najít své využití v odvětvích jako je pedologie nebo zemědělství.

7 RESUMÉ

Práce je zaměřena na screening bakterií na dvou historických pohřebištích. Bylo odebráno a následně zpracováno pět vzorků. Dva vzorky pocházejí z pohřebiště v Semonicích (asi 2. polovina 18. století), jeden z těchto vzorků byl získán odběrem z dutiny břišní, druhý pochází ze zubu. Druhou zvolenou lokalitou bylo pohřebiště v Hostivici (asi 2. pol. 16. až 1. pol. 17. století), zde byly odebrány tři vzorky, všechny ze zubů. Vzorky byly zpracovány v Bioptické laboratoři s.r.o., za pomoci metagenomické analýzy. Sekvenování bylo provedeno na přístroji Illumina MiSeq, použitým softwarem byl Isas (Analysis Software) verze 2.6.2.3. Tímto způsobem bylo získáno značné množství dat, vyžadující podrobné zpracování. V každém z pěti vzorků bylo zařazeno do taxonomických jednotek přibližně 1 000 – 2 500 bakterií, přičemž čtení sekvencí a následné řazení do taxonomických jednotek někde dalo na konečném výstupu opakovaně stejné rody a druhy.

Bylo zjištěno, že taxonomické zastoupení bakterií ze vzorku zubu z pohřebiště v Semonicích, se oproti vzorku odebranému z dutiny břišní v téže lokalitě neliší, přestože se odběr vzorků uskutečnil z těl dvou různých jedinců. Taxonomické zastoupení bakterií ve vzorcích získaných z Hostivice, se mezi sebou také významně nelišilo. Při vzájemném porovnání vzorků z obou lokalit, byly prokázány početní rozdíly u nejvíce se vyskytujících bakterií, nicméně jejich taxonomické zastoupení bylo v obou lokalitách v podstatě shodné.

Podobné výzkumy nebyly zatím provedeny ani publikovány. Jedná se do značné míry o pilotní práci. Získaná data by měla být dále podrobněji zpracována, nabyté poznatky utříděny, a dále využity v odvětvích jako je pedologie nebo zemědělství.

8 SUMMARY

The work focuses on bacterial screening at two historical burial sites. Five samples were taken and subsequently processed. Two samples come from a burial site in Semonice (about the second half of the 18th century), one of these samples was obtained from the abdominal cavity, the other one comes from a tooth. The second selected place was the burial site in Hostivice (about between 2nd half of the 16th and 1st half of the 17th century), three samples were taken here, all from teeth. The samples were processed in the Bioptic Laboratory s.r.o. using metagenomic analysis. Sequencing was performed on Illumina MiSeq, the software used was Isas (Analysis Software) version 2.6.2.3. In this way, a significant amount of data was obtained which required detailed processing. In each of the five samples, approximately 1 000 – 2 500 bacteria were assigned to taxonomic units. Reading sequential data and subsequent classifying into taxonomic units repeatedly showed the same genera and species at final output.

It has been discovered that the taxonomic classification of bacteria from the tooth sample from the burial site in Semonice is no different from the sample taken from the abdominal cavity in the same site, although the samples were collected from bodies of two different individuals. The taxonomic classification of bacteria in the samples obtained from Hostivice was also not significantly different from one another. When comparing samples from both sites, numerical differences in the most frequent bacteria were demonstrated, but their taxonomic classification was essentially the same in both sites.

Similar research has not yet been carried out or published. This is largely pilot work. The data obtained should be further elaborated in more detail, the acquired knowledge should be classified and be of further use in branches such as pedology or agriculture.

9 LITERATURA

- ABIA, A. L. K., ALISOLTANI, A., UBOMBA-JASWA, E. a DIPPENAAR, M. A. 2019. Microbial life beyond the grave: 16S rRNA gene-based metagenomic analysis of bacteria diversity and their functional profiles in cemetery environments [online]. *Science of the total environment* [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.11.302>
- ALBUQUERQUE, L., FRANÇA, L., RAINEY, F. A., SCHUMANN, P., NOBRE, M. F. a DA COSTA, M. S. 2011. *Gaiella occulta* gen. nov., sp. nov., a novel representative of a deep branching phylogenetic lineage within the class *Actinobacteria* and proposal of *Gaiellaceae* fam. nov. and *Gaiellales* ord. nov. [online]. *Systematic and applied microbiology*. 34: 595–599 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2011.07.001>
- ALEXANDRE, G. 2017. *Azospirillum brasilense*, a beneficial soil bacterium: isolation and cultivation [online]. *Current protocols in microbiology*, 47: 3E.1.1–3E.1.10 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1002/cpmc.40>
- AMANN, R., LUDWIG, W. a SCHLEIFER, H. K. 1995. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation [online]. *Lehrstuhl für mikrobiologie*, 59: 143–169 [cit. 09.07.2021]. Dostupné z: <https://journals.asm.org/doi/abs/10.1128/mr.59.1.143-169.1995>
- ANSORGE, W. J. 2009. Next-generation DNA sequencing techniques [online]. *New biotechnology*, 25: 195–203 [cit. 22.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.nbt.2008.12.009>
- ASAF, S., NUMAN, M., KHAN, A. L. a AL-HARRASI, A. 2020. *Sphingomonas*: from diversity and genomics to functional role in environmental remediation and plant growth [online]. *Critical Reviews in Biotechnology*, 40: 138–152 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1080/07388551.2019.1709793>
- AUSTIN, B. a ZHANG, X. H. 2006. *Vibrio harveyi*: a significant pathogen of marine vertebrates and invertebrates [online]. *Letters in applied mikrobiologie*, 43:119–124 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2006.01989.x>

- BARON, J. E., SHAMROCK, A. G., VOLKMAN, A. a WESTERMANN, R. W. 2020. *Haemophilus parainfluenzae* septic arthritis following primary all-inside meniscus repair: A case report and review of the literature [online]. Iowa orthopedic journal, 40:111–114 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32742217/>
- BENTLEY, D., BALASUBRAMANIAN, S., SWERDLOW, H. et al. 2008. Accurate whole human genome sequencing using reversible terminator chemistry [online]. Nature, 456: 53–59 [cit. 01.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/nature07517>
- BIČÍK, I. et al. 2009. Půda v České republice. 1. vydání. Consult, 256 stran. Praha. ISBN 80-903482-4-6.
- BOJAR, R. A. a HOLLAND, K. T. 2004. Acne and *Propionibacterium acnes* [online]. Clinics in dermatology, 22: 375–379 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.clindermatol.2004.03.005>
- BOLOGNIA, J. L., COOPER, D. L. a GLUSAC, E. J. 2008. Toxic erythema of chemotherapy: A useful clinical term [online]. Journal of the American academy of dermatology, 59: 524–529 [cit. 01.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.jaad.2008.05.018>
- BRIDGER, N., WALKTY, A., CROCKETT, M., FANELLA, S., NICHOL, K. a KARLOWSKY, J. A. 2012. *Caulobacter* species as a cause of postneurosurgical bacterial meningitis in a pediatric patient [online]. Canadian journal of infectious diseases and medical mikrobiology, 23: e10–e12 [cit. 26.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1155/2012/231894>
- CARRIÓN, V. J., CORDOVEZ, V., TYC, O., ETALO, D. W., DE BRUIJN, I., DE JAGER, V. C. L., MEDEMA, M. H., EBERL, L. a RAAIJMAKERS, J. M. 2018. Involvement of *Burkholderiaceae* and sulfurous volatiles in disease-suppressive soils [online]. ISME, 12: 2307–2321 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/s41396-018-0186-x>
- CLARKE, D. J. 2020. *Photorhabdus*: a tale of contrasting interactions [online]. Microbiology, 166: 335–348 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/mic.0.000907>

- COKER, O. O., DAI, Z., NIE, Y., ZHAO, G., CAO, L., NAKATSU, G., WU, W. K., WONG, S. H., CHEN, Z., SUNG, J. J. Y. a YU, J. 2017. Mucosal microbiome dysbiosis in gastric carcinogenesis [online]. *Gut*, 67: 1024–1032 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2017-314281>
- COLLIER, J. 2019. Cell division control in *Caulobacter crescentus* [online]. *Biochimica et Biophysica acta - Gene regulatory mechanisms*, 1862: 685–690 [cit. 26.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.bbagr.2018.04.005>
- COLLINS, M. D., HOYLES, L., FOSTER, G. a FALSEN, E. 2004. *Corynebacterium caspium* sp. nov., from a Caspian seal (*Phoca caspica*) [online]. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 54: 925–928 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02950-0>
- CRAWSHAW, T. R. a FULLER, H. E. 1994. *Flexispira rappini* suspected in ovine abortion [online]. *Veterinary record case reports*, 134: 507 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1136/vr.134.19.507-b>
- CRÉMET, L., BEMER, P., ZAMBON, O., REYNAUD, A., CAROFF, N. a CORVEC, S. 2009. *Chitinophaga terrae* bacteremia in human [online]. *Emerging infectious diseases*, 15: 1134–1135 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.3201/eid1507.090124>
- CULEK, M. et al. 1996. Biogeografické členění České republiky. 1. vydání. Enigma, 347 stran. Praha. ISBN 80-85368-80-3.
- DASH, H. R. a DAS, S. 2020. Thanatomicrobiome and epinecrotic community signatures for estimation of post-mortem time interval in human cadaver [online]. *Applied microbiology and biotechnology*, 104: 9497–9512 [cit. 15.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1007/s00253-020-10922-3>
- DEFOSSE, D. L., JOHNSON, R. C., PASTER, B. J., DEWHIRST, F. E. a FRASER, G. J. 1995. *Brevinema andersonii* gen. nov., sp. nov., an infectious spirochete isolated from the short-tailed shrew (*Blarina brevicauda*) and the white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*) [online]. *International journal of systematic bacteriology*, 45: 78–84 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/00207713-45-1-78>

- DRANCOURT, M., TRAN-HUNG, L., COURTIN, J., LUMLEY, H. D. a RAOULT, D. 2005. Bartonella quintana in a 4000-year-old human tooth [online]. The journal of infectious diseases, 191: 607–611 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1086/427041>
- DRÉNO, B., PÉCASTAINGS, S., CORVEC, S., VERALDINI, S., KHAMMARI, A. a ROQUES, C. 2018. Cutibacterium acnes (Propionibacterium acnes) and acne vulgaris: a brief look at the latest updates [online]. The Journal of the European Academy of Dermatology and Venereology, 2: 5–14 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1111/jdv.15043>
- ELLIOTT, S. P. 2007. Rat bite fever and Streptobacillus moniliformis [online]. Clinical microbiology reviews journal, 20: 13–22 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1128/CMR.00016-06>
- GARIBYAN, L., a AVASHIA, N. 2013. Polymerase chain reaction [online]. The journal of investigative dermatology, 133: 1–3 [cit. 09.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/jid.2013.1>
- GREEN, M. R. a SAMBROOK, J. 2012. Molecular cloning: A laboratory manual. 4. vydání. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1885 stran. New York. ISBN 978-1-936113-42-2.
- GREEN, P. N. a ARDLEY J. K. 2018. Review of the genus Methylobacterium and closely related organisms: a proposal that some Methylobacterium species be reclassified into a new genus, Methylorubrum gen. nov. [online]. International journal of systematic and evolutionary mikrobiology, 68: 2727–2748 [cit. 26.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002856>
- GRIMONT, P. A. a GRIMONT, F. 1978. The genus Serratia [online]. Annual review of mikrobiology, 32: 221–248 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1146/annurev.mi.32.100178.001253>
- GUERRA, J. M. M., ASENJO, M. M. a MARTÍN, C. R. 2019. Bacteraemia by Micrococcus luteus in an immunocompromised patient [online]. Medicina Clinica, 152: 469–470 [cit. 26.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.medcli.2018.09.011>

- HARRIS, L. G., FOSTER, S. J. a RICHARDS, R. G. 2002. An introduction to *Staphylococcus aureus*, and techniques for identifying and quantifying *S. aureus* adhesins in relation to adhesion to biomaterials: review [online]. *European cells & Materials*, 31: 39–60 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.22203/ecm.v004a04>
- HARRIS, S. R. a OKORO, C. K. 2014. Chapter 7 - Whole-genome sequencing for rapid and accurate identification of bacterial transmission pathways [online]. *Methods in microbiology*, 41: 123–152 [cit. 09.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/bs.mim.2014.07.003>
- HE, X. L., ZHOU, D., GAO, H., HUANG, F. Q., LI, H. a LV, J. 2020. *Dyadobacter bucti* sp. nov., isolated from subsurface sediment [online]. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 70: 2281–2287 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004030>
- HIRSCH, P., LUDWIG, W., HETHKE, C., SITTIG, M., HOFFMANN, B. a GALLIKOWSKI, C. A. 1998. *Hymenobacter roseosalivarius* gen. nov., sp. nov. from continental Antarctica soils and sandstone: bacteria of the *Cytophaga/Flavobacterium/Bacteroides* line of phylogenetic descent [online]. *Systematic and applied microbiology*, 21: 374–383 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: [https://doi.org/10.1016/s0723-2020\(98\)80047-7](https://doi.org/10.1016/s0723-2020(98)80047-7)
- HORADAGODA, N. U., BIASUTTI, S., GIMENO, M. a DART, A. *Dermatophilus congolensis* associated bronchopneumonia in an alpaca [online]. *Veterinary medicine and science*, 6: 44–47 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1002/vms3.213>
- CHEN, L. L., CHEN, F., ZHAO, H. Z., FENG, Z. Z., ZHANG, H. a HUANG, X. 2018. *Aestuariimicrobium soli* sp. nov., isolated from farmland soil, and emended description of the genus *Aestuariimicrobium* [online]. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 68: 3296–3300. [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002986>
- CHITTPURNA, SINGH, P. K., VERMA, D., PINNAKA, A. K., MAYILRAJ, S. a KORPOLE, S. 2011. *Micrococcus lactis* sp. nov., isolated from dairy industry waste

[online]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 61: 2832–2836 [cit. 26.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.028043-0>

- ILLUMINA, Inc. 2017. An introduction to Next-Generation Sequencing Technology [online]. Pub. No. 770-2012-008-B [cit. 09.07.2021]. Dostupné z: www.illumina.com/technology/next-generation-sequencing.html
- JACQUEMYN, H., LENAERTS, M., BRYS, R., WILLEMS, K., HONNAY, O. a LIEVENS, B. 2013. Among-population variation in microbial community structure in the floral nectar of the bee-pollinated forest herb *Pulmonaria officinalis* L [online]. PLoS One, 8: e56917 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0056917>
- JOLIVET-GOUGEON, A., GUÉRIN, J., TAMANAI-SHACOORI, Z., GANDEMER, V., SIXOU, J. L. a BONNAURE-MALLET, M. 2008. Influence of previous antimicrobial therapy on oral carriage of beta-lactamase producing *Capnocytophaga* isolates [online]. Acta paediatrica, 97: 964–967 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1111/j.1651-2227.2008.00824.x>.
- KIM, M. K., KIM, Y. J., KIM, H. B., KIM, S. Y., YI, T. H. a YANG, D. C. 2008. *Curtobacterium ginsengisoli* sp. nov., isolated from soil of a ginseng field [online]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 58: 2393–2397 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65591-0>
- KIM, M., PAK, S., RIM, S., REN, L., JIANG, F., CHANG, X., LIU, P., ZHANG, Y., FANG, C., ZHENG, C. a PENG, F. 2015. *Luteolibacter arcticus* sp. nov., isolated from high Arctic tundra soil, and emended description of the genus *Luteolibacter* [online]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 65: 1922–1928 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/doi:10.1099/ijs.0.000202>
- KIM, S. J., WEON, H. Y., KIM, Y. S., PARK, I. C., SON, J. A., a KWON, S. W. 2011. *Nevskia terrae* sp. nov., isolated from soil [online]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 61: 1226–1229 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.021238-0>
- KOZÁK, J. et al. 2009. Atlas půd České republiky. 2., upravené vydání. ČZU Praha, 150 stran. Praha. ISBN 978-80-213-2008-6.

- KULICHEVSKAYA, I. S., IVANOVA, A. A., DETKOVA, E. N., RIJPSRA, W. I. C., SINNINGHE DAMSTÉ, J. S. a DEDYSH, S. N. 2015. *Planctomicrobium piriforme* gen. nov., sp. nov., a stalked *Planctomycete* from a littoral wetland of a boreal lake [online]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 65: 1659–1665 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.000154>
- KULINICH, A., WANG, Q., DUAN, X. C., LYU, Y. M., ZHANG, X. Y., AWAD, F. N., LIU, L. a VOGLMEIR, J. 2020. Biochemical characterization of the endo- α -N-acetylgalactosaminidase pool of the human gut symbiont *Tyzzerella nexilis* [online]. Carbohydrate research, 490: 107962 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.carres.2020.107962>
- KUTÍLEK, M. 2012. Půda planety Země. 1. vydání. Dokořán, 199 stran. Praha. ISBN 978-80-7363-212-0.
- LEE, P., MAK, K. H., LING, M. L., CHENG, S. K., KOH, T. H. 1996. *Haemophilus parainfluenzae* infective endokarditis [online]. Annals of the Academy of medicine of Singapore, 25: 761–762 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8924025/>
- LEE, S. D. 2006. *Actinocorallia cavernae* sp. nov., isolated from a natural cave in Jeju, Korea [online]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 56: 1085–1088 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63895-0>
- LEMAITRE, F., STEIN, A., RAOULT, D. a DRANCOURT, M. 2011. *Pseudoclavibacter*-like subcutaneous infection: a case report [online]. Journal of medical case reports, 20: 468–469 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1186/1752-1947-5-468>
- LEVETT, P. N. 2015. Systematics of *Leptospiraceae* [online]. Current topics in microbiology and immunology, 387: 11–20 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: https://doi.org/10.1007/978-3-662-45059-8_2
- LI, X., LI, Z., HE, Y., LI, P., ZHOU, H., ZENG, N. 2020. Regional distribution of *Christensenellaceae* and its associations with metabolic syndrome based on a

population-level analysis [online]. PeerJ, 8: e9591 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.7717/peerj.9591>

- LI, Y. Q., LI, L., FU, Y. S., CUI, Z. Q., DUAN, Y. Q., SALAM, N., GUO, J. W., CHEN, W. a LI, W. J 2016. *Pseudoclavibacter endophyticus* sp. nov., isolated from roots of *Glycyrrhiza uralensis* [online]. International journal of systematic and evolutionary mikrobiology, 66: 1287–1292 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000876>
- LU, H., GIORDANO, F. a NING, Z. 2016. Oxford Nanopore MinION sequencing and genome assembly [online]. Genomics proteomics bioinformatics, 14: 265–279 [cit. 18.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2016.05.004>
- LUO, Y., HUANG, C., YE, J., FANG, W., GU, W., CHEN, Z., LI, H., WANG, X. a JIN, D. 2016. Genome sequence and analysis of *Peptoclostridium difficile* strain ZJCDC-S82 [online]. Evol Bioinform Online, 24: 41–49 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.4137/EBO.S32476>
- MAKINO, K., OSHIMA, K., KUROKAWA, K., YOKOYAMA, K., UDA, T., TAGOMORI, K., IJIMA, Y., NAJIMA, M., NAKANO, M., YAMASHITA, A., KUBOTA, Y., KIMURA, S., YASUNAGA, T., HONDA, T., SHINAGAWA, H., HATTORI, M. a IIDA, T. 2003. Genome sequence of *Vibrio parahaemolyticus*: a pathogenic mechanism distinct from that of *V. cholerae* [online]. Lancet, 361: 743–749 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(03\)12659-1](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(03)12659-1)
- MARDIS, E. R. 2008. Next-generation DNA sequencing methods [online]. Annual review of genomics and human genetics, 9: 387–402 [cit. 09.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1146/annurev.genom.9.081307.164359>
- MARDIS, E. R. 2008. The impact of next-generation sequencing technology on genetics [online]. Trends in genetics, 24: 133–141 [cit. 22.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.tig.2007.12.007>
- MARINI, R. P., FOLTZ, C. J., KERSTEN, D., BATCHELDER, M., KASER, W., LI, X. 1996. Microbiologic, radiographic, and anatomic study of the nasolacrimal duct apparatus in the rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) [online]. Laboratory animal science, 46: 656–662 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://europepmc.org/article/med/9001179>

- MCGUIRE, M. K. a NUNN, M. E. 1996. Prognosis versus actual outcome. III. The effectiveness of clinical parameters in accurately predicting tooth survival [online]. *Journal of periodontology*, 67: 666–674 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1902/jop.1996.67.7.666>
- METCALF, J. L., XU, Z. Z., WEISS, S. et al. 2016. Microbial community assembly and metabolic function during mammalian corpse decomposition [online]. *Science*, 351: 158–162 [cit. 15.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1126/science.aad2646>
- MÉTHOT, P. O. a ALIZON, S. 2014. What is a pathogen? Toward a process view of host-parasite interactions [online]. *Virulence*, 5: 775–785 [cit. 18.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.4161/21505594.2014.960726>
- MCHUGH, K. E., RHOADS, D. D., WILSON, D. A., HIGHLAND, K. B., RICHTER, S. S. a PROCOP, G. W. 2016. *Inquilinus limosus* in pulmonary disease: case report and review of the literature [online]. *Diagnostic microbiology and infectious disease*, 86:446–449 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2016.09.006>
- MONTICELLI, J., GERLONI, R., FARINA, C., KNEZEVICH, A., DORE, F. a LUZZATI, R. 2019. *Cellulosimicrobium cellulans* aortic prosthetic valve endokarditis [online]. *Access microbiology*, 1: e000068 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/acmi.0.000068>
- MOO-YOUNG, M. 2019. *Comprehensive Biotechnology* [online]. 3. vydání. Pergamon. 4870 stran. eBook ISBN: 9780444640475 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://www.elsevier.com/books/comprehensive-biotechnology/moo-young/978-0-444-64046-8>
- MUDRA, P., PRŮCHOVÁ, E. a CHROUSTOVSKÝ, L. 2012. Novověké pohřebiště v Hostivici – morové či nikoliv? 3. ročník studentské konference katedry archeologie a katedry antropologie v Plzni: Konstruování minulosti. Plzeň, 1. a 2. listopadu 2012.
- MULLIS, K. B. 1990. The Unusual Origin of the Polymerase Chain Reaction [online]. *Scientific American*, 4: 56–65 [cit. 02.07.2021]. Dostupné z: <https://www.jstor.org/stable/24996713>

- NĚMEC, M. a MATOULKOVÁ, D. 2015. Základy obecné mikrobiologie. 1. vydání. Masarykova univerzita, 255 stran. Brno. ISBN 978-80-210-7923-6.
- NISHIJIMA, M., TAZATO, N., HANDA, Y., TOMITA, J., KIGAWA, R., SANO, C. a SUGIYAMA, J. 2013. *Gluconacetobacter tumulisoli* sp. nov., *Gluconacetobacter takamatsuzukensis* sp. nov. and *Gluconacetobacter aggeris* sp. nov., isolated from Takamatsuzuka Tumulus samples before and during the dismantling work in 2007 [online]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 63: 3981–3988 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.051292-0>
- OKAMOTO, K., HATAKEYAMA, S., SUGITA, C., OGURA, K., UEDA, R., KOUDA, H. a NAKATA, J. 2018. Nasal diphtheria (chronic carriage) caused by nontoxigenic *Corynebacterium diphtheriae* [online]. Journal of infection and chemotherapy, 24: 759–762 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.jiac.2018.01.015>
- PEČOVÁ, M., ZAJONCOVÁ, L., POLÁKOVÁ, K., ČUDA, J., ŠAFAŘÍKOVÁ, M., ŠEBELA, M. a ŠAFAŘÍK, I. 2010. Biologicky aktivní látky imobilizované na magnetických nosičích a jejich v biochemii a biotechnologii [online]. Chemické Listy, 105: 524–530 [cit. 20.07.2021]. Dostupné z: http://www.chemicke-listy.cz/docs/full/2011_07_524-530.pdf
- PENLAND, R. L., BONIUK, M. a WILHELMUS, K. R. 2000. *Vibrio ocular* infections on the U. S. Gulf Coast [online]. Cornea, 19: 26–29 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1097/00003226-200001000-00006>
- PEREG, L., DE-BASHAN, L. E. a BASHAN, Y. 2016. Assessment of affinity and specificity of *Azospirillum* for plants [online]. Plant soil, 399: 389–414 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1007/s11104-015-2778-9>
- POETSCH, A., HAUSMANN, U. a BURKOVSKI, A. 2011. Proteomics of corynebacteria: From biotechnology workhorses to pathogens [online]. Proteomics, 11: 3244–3255 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1002/pmic.201000786>
- PRESTON, J., VANZEELAND, A. a PEIFFER, D. A. 2021. Innovation at Illumina: The road to the \$600 human genome [online]. Nature [cit. 05.07.2021]. Dostupné z: <https://www.nature.com/articles/d42473-021-00030-9>

- PRŮCHOVÁ, E., DANEČEK, D. a SMÍŠEK, K. 2011. Prostorová distribuce jedinců v závislosti na demografických parametrech na pohřebišti v Hostivici. Archeologie & antropologie, Národní muzeum, konference, Praha, 16. listopadu 2011.
- PRŮCHOVÁ, E., MUDRA, P., DANEČEK, D., SMÍŠEK, K. a CHROUSTOVSKÝ, L. 2012. Spatial distribution of selected features of the early post-medieval cemetery at Hostivice. 18th European Association of Archaeologists (EAA). Annual Meeting. Session Death and burial in post-medieval Europe. Helsinki, 29.8.–1.9.2012.
- PUKALL, R., GEHRICH-SCHRÖTER, G., LAPIDUS, A., NOLAN, M., GLAVINA DEL RIO, T., LUCAS, S., CHEN, F., TICE, H., PITLUCK, S., CHENG, J. F., COPELAND, A., SAUNDERS, E., BRETTIN, T., DETTER, J. C., BRUCE, D., GOODWIN, L., PATI, A., IVANOVA, N., MAVROMATIS, K., OVCHINNIKOVA, G., CHEN, A., PALANIAPPAN, K., LAND, M., HAUSER, L., CHANG, Y. J., JEFFRIES, C. D., CHAIN, P., GÖKER, M., BRISTOW, J., EISEN, J. A., MARKOWITZ, V., HUGENHOLTZ, P., KYRPIDES, N. C., KLENK, H. P. a HAN, C. 2009. Complete genome sequence of *Jonesia denitrificans* type strain (Prevot 55134) [online]. Standards in genomic science, 1: 262–269 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.4056/sigs.41646>
- PUKALL, R., GEHRICH-SCHRÖTER, G., LAPIDUS, A., NOLAN, M., GLAVINA DEL RIO, T., LUCAS, S., CHEN, F., TICE, H., PITLUCK, S., CHENG, J. F., COPELAND, A., SAUNDERS, E., BRETTIN, T., DETTER, J. C., BRUCE, D., GOODWIN, L., PATI, A., IVANOVA, N., MAVROMATIS, K., OVCHINNIKOVA, G., CHEN, A., PALANIAPPAN, K., LAND, M., HAUSER, L., CHANG, Y. J., JEFFRIES, C. D., CHAIN, P., GÖKER, M., BRISTOW, J., EISEN, J. A., MARKOWITZ, V., HUGENHOLTZ, P., KYRPIDES, N. C., KLENK, H. P., HAN, C. 2019. Complete genome sequence of *Jonesia denitrificans* type strain (Prevot 55134) [online]. Standards in genomic sciences, 1: 262–269 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.4056/sigs.41646>
- QUAIL, M. A., SMITH, M., COUPLAND, P. et al. 2012. A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers [online]. BMC Genomics, 13: 114–120 [cit. 09.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-341>

- RONDON, M. R., AUGUST, P. R., BETTERMANN, A. D. et al. 2000. Cloning the soil metagenome: a strategy for accessing the genetic and functional diversity of uncultured microorganisms [online]. *Applied and environmental microbiology*, 66: 2541–2547 [cit. 16.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1128/AEM.66.6.2541-2547.2000>
- ROSYPAL, S. 1994. *Bakteriologie a virologie*. 1. vydání. Scientia, 67 stran. Praha. ISBN 80-85827-16-6.
- RYAN, M. P. a Adley, C. C. 2010. *Sphingomonas paucimobilis*: a persistent Gram-negative nosocomial infectious organism [online]. *Journal of hospital infection*, 75: 153–157 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.jhin.2010.03.007>
- RYAN, M. P. a PEMBROKE, J. T. 2020. The genus *Ochrobactrum* as major opportunistic pathogens [online]. *Microorganisms*, 8: 1797–1799 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.3390/microorganisms8111797>
- SAMBROOK, J. a RUSSELL, D.W. 2006. Purification of nucleic acids by extraction with phenol:chloroform [online]. *Cold Spring Harbor Protocols*, 1: 123–139. [cit. 20.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1101/pdb.prot4455>
- SHAFFER, J. P., U'REN, J. M., GALLERY, R. E., BALTRUS, D. A. a ARNOLD, A. E. 2017. An endohyphal bacterium (*Chitinophaga*, Bacteroidetes) alters carbon source use by *Fusarium keratoplasticum* (*F. solani* Species Complex, Nectriaceae) [online]. *Frontiers in microbiology*, 8: 350–356 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00350>
- SHENDURE, J. a JI, H. 2008. Next-generation DNA sequencing [online]. *Nature biotechnology*, 26: 1135–1145 [cit. 05.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/nbt1486>
- SHIMIZU, T. 2015. Pathogenic factors of *Mycoplasma* [online]. *Nihon Saikingaku Zasshi*, 70: 369–374 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.3412/jsb.70.369>
- SHIRLEY, N. R., WILSON, R. J. a JANTZ, L. 2011. Cadaver use at the University of Tennessee's anthropological research facility [online]. *Clinical anatomy*, 24: 372–380 [cit. 15.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1002/ca.21154>

- SCHAUER, D. B., GHORI, N. a FALKOW, S. 1993. Isolation and characterization of "*Flexispira rappini*" from laboratory mice [online]. *Journal of clinical microbiology*, 31: 2709–2714 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1128/jcm.31.10.2709-2714.1993>
- SCHINDLER, J. 2014. *Mikrobiologie: pro studenty zdravotnických oborů. 2., doplněné a přepracované vydání.* Grada, 215 stran. Praha. ISBN 978-80-247-4771-2.
- SCHLOSS, P. D. a HANDELSMAN, J. 2003. Biotechnological prospects from metagenomics [online]. *Current opinion in biotechnology*, 14: 303–310 [cit. 05.07.2021]. Dostupné z: [https://doi.org/10.1016/S0958-1669\(03\)00067-3](https://doi.org/10.1016/S0958-1669(03)00067-3)
- SINGH, V., HAQUE, S., KHARE, S., TIWARI, A. K., KATIYAR, D., BANERJEE, B., KUMARI, K. a TRIPATHI, C. K. M. 2018. Isolation and purification of antibacterial compound from *Streptomyces levis* collected from soil sample of north India [online]. *PLoS One*, 13: e0200500 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0200500>
- SKIPPER, C., FERRIERI, P. a CAVERT, W. 2019. Bacteremia and central line infection caused by *Bosea thiooxidans* [online]. *IDCases*, 19: e00676 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.idcr.2019.e00676>
- SMITH, C. J. a OSBORN, A. M. 2009. Advantages and limitations of quantitative PCR (Q-PCR)-based approaches in microbial ecology [online]. *FEMS Microbiology Ecology*, 67: 6–20 [cit. 01.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2008.00629.x>
- SNYDER, E. A CREDILLE, B. 2020. *Mannheimia haemolytica* and *Pasteurella multocida* in *Bovine* respiratory disease: How are they changing in response to efforts to control them? [online]. *Veterinary clinics of North America: Food animal practice*, 36: 253–268 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2020.02.001>
- SOOMRO, A. L. a JUNEJO, N. 2004. *Vibrio cholerae* in the environment [online]. *Journal of the College of physicians and surgeons Pakistan*, 14: 509–512 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15321050/>

- SPAGNOLO, E. V., STASSI, C., MONDELLO, C., ZERBO, S., MILONE, L., ARGO, A. 2019. Forensic microbiology applications: A systematic review [online]. *Legal Medicine*, 36: 73–80 [cit. 15.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2018.11.002>
- TERRAT, Y., FARNAES, L., BRADLEY, J., TROMAS, N. a SHAPIRO, B. J. 2020. Two cases of type-a *Haemophilus influenzae* meningitis within the same week in the same hospital are phylogenetically unrelated but recently exchanged capsule genes [online]. *Microbial genomics*, 6: e000348 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000348>
- THOMAS, T., GILBERT, J. a MEYER, F. 2012. Metagenomics - a guide from sampling to data analysis [online]. *Microbial informatics and experimentation*, 2: 2–12 [cit. 08.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1186/2042-5783-2-3>
- TOMÁŠEK, M. 2014. Půdy České republiky. 5., upravené a doplněné vydání. Česká geologická služba, 68 stran. Praha. ISBN 978-80-7075-861-8.
- TRANCHIDA, M. C., RICCILO, P. M., RODRIGUERO, M. S., GARCÍA, J. J. a MICIELI, M. V. 2012. Isolation and identification of α -proteobacteria from *Culex pipiens* (Diptera Culicidae) larvae [online]. *Journal of invertebrate pathology*, 109: 143–147 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.jip.2011.10.007>
- TROJÁNEK, Z. 2013. Izolace DNA z rostlinných tkání pro použití v polymerázové řetězové reakci [online]. Brno, 2013 [cit. 20.07.2021]. – Ms., 84 pp. [Diplomová práce; depon. in: Vysoké učení technické v Brně, Brno]. Dostupné z: <http://hdl.handle.net/11012/25516>
- UCHIDA-FUJII, E., NIWA, H., KINOSHITA, Y. a NUKADA T. 2019. *Actinobacillus* species isolated from Japanese Thoroughbred racehorses in the last two decades [online]. *The journal of veterinary medical science*, 81:1234–1237 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1292/jvms.19-0192>
- URQUIAGA, M. C. O., KLEPA, M. S., SOMASEGRAN, P., RIBEIRO, R. A., DELAMUTA, J. R. M. a HUNGRIA, M. 2019. *Bradyrhizobium frederickii* sp. nov., a nitrogen-fixing lineage isolated from nodules of the caesalpinoid species *Chamaecrista fasciculata* and characterized by tolerance to high temperature *in vitro*

[online]. International journal of systematic and evolutionary mikrobiology, 69: 3863–3877 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003697>

- VAN BELKUM, A., MELLES, D. C., NOUWEN, J., VAN LEEUWEN, W. B., VAN WAMEL, W., VOS, M. C., WERTHEIM, H. F. a VERBRUGH, H. A. Co-evolutionary aspects of human colonisation and infection by *Staphylococcus aureus* [online]. Infection, genetics and evolution, 9: 32–47 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2008.09.012>
- VAN DRIESSCHE, L., VANNESTE, K., BOGAERTS, B., DE KEERSMAECKER, S. C. J., ROOSENS, N. H., HAESEBROUCK, F., DE CREMER, L., DEPREZ, P., PARDON, B. a BOYEN, F. 2020. Isolation of drug-resistant gallibacterium anatis from calves with unresponsive bronchopneumonia, Belgium [online]. Emerging infectious diseases, 26: 721–730 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.3201/eid2604.190962>
- VANINSBERGHE, D., MAAS, K. R., CARDENAS, E., STRACHAN, C. R., HALLAM, S. J. a MOHN, W. W. 2015. Non-symbiotic *Bradyrhizobium* ecotypes dominate North American forest soils [online]. ISME J, 9: 2435–2441 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/ismej.2015.54>
- WANG, C. M., LAI, C. C., TAN, C. K., HUANG, Y. C., CHUNG, K. P., LEE, M. R., HWANG, K. P. a HSUEH, P. R. 2012. Clinical characteristics of infections caused by *Roseomonas* species and antimicrobial susceptibilities of the isolates [online]. Diagnostic Microbiology and Infectious Disease, 72: 199–203 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2011.11.013>
- WANG, Y., LIN, W., LI, J. a PAN, Y. 2013. High diversity of *Magnetotactic deltaproteobacteria* in a freshwater niche [online]. Applied and environmental mikrobiology, 79: 2813–2817 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1128/AEM.03635-12>
- WEIER, H. U. a GRAY, J. W. 1988. A Programmable System to Perform the Polymerase Chain Reaction [online]. DNA, 7: 441–447 [cit. 09.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1089/dna.1.1988.7.441>

- WÓJCIK, J., TOMSIA, M., DRZEWIECKI, A. a SKOWRONEK, R. 2021. Thanatobiome – state of the art and future directions [online]. *Advancements of Mikrobiology*, 60: 21–29 [cit. 15.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.21307/PM-2021.60.1.03>
- YANG, Y., ZHANG, R., FENG, J., WANG, C. a CHEN, J. 2019. *Azospirillum griseum* sp. nov., isolated from lakewater [online]. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 69: 3676–3681 [cit. 25.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003460>
- ZARIA, L. T. 1993. *Dermatophilus congolensis* infection (*Dermatophilosis*) in animals and man [online]. *Comparative immunology, microbiology & infectious diseases*, 16:179–222 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: [https://doi.org/10.1016/0147-9571\(93\)90148-x](https://doi.org/10.1016/0147-9571(93)90148-x)
- ZHEN-LI, Z., XIN-QI, Z., NAN, W., WEN-WU, Z., XU-FEN, Z., YI, C. a MIN, W. 2014. *Amphiplicatus metriothermophilus* gen. nov., sp. nov., a thermotolerant *Alphaproteobacterium* isolated from a hot spring [online]. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64: 2805–2811 [cit. 27.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1099/ijjs.0.062471-0>
- ZHOU, W. a BIAN, Y. 2018. Thanatobiome composition profiling as a tool for forensic investigation [online]. *Forensic sciences research*, 3: 105–110 [cit. 18.07.2021]. Dostupné z: <https://doi.org/10.1080/20961790.2018.1466430>

10 INTERNETOVÉ ZDROJE

- [1] Mapy seznam.cz [online, cit. 13.07.2021]
<<https://mapy.cz/zakladni?&x=15.0721457&y=50.2291620&z=9&cat=mista-trasy>>
- [2] Mapy seznam.cz [online, cit. 13.07.2021]
<<https://mapy.cz/zakladni?x=14.2406704&y=50.0821848&z=13&dim=60ef22caf5dda6795f08e61>>
- [3] Mapy seznam.cz [online, cit. 13.07.2021]
<<https://mapy.cz/zakladni?x=15.8824781&y=50.3363469&z=13&dim=60ef22a59dc1051dfcf5496b>>
- [4] Illumina, 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation [online, cit. 21.07.2021]

<https://support.illumina.com/documents/documentation/chemistry_documentation/16s/16s-metagenomic-library-prep-guide-15044223-b.pdf >

[5] Kalkulačka vzdálenosti [online, cit. 27.07.2021]

<<https://cs.distance.to/Hostivice,Prahaz%C3%A1pad,St%C5%99edo%C4%8Desk%C3%BDkraj,CZE/Semonice,Jarom%C4%9B%C5%99,N%C3%A1chod,Kr%C3%A1lov%C3%A9hradeck%C3%BD-kraj,CZE>>

11 SEZNAM OBRÁZKŮ

- Obr. 1. Pracovní postupy sekvenování nové generace Illumina. Převzato a upraveno z Illumina, Inc. (2017).
- Obr. 2. Schéma bakteriální buňky. Převzato z Němce a Matoulkové (2015).
- Obr. 3. Tvary a uspořádání bakteriálních buněk. Převzato a upraveno podle Rosypala (1994).
- Obr. 4. Lokality vyznačené na mapě. První lokalita Hostivice, druhá lokalita Semonice [1].
- Obr. 5. První lokalita, Hostivice [2].
- Obr. 6. Druhá lokalita, Semonice [3].
- Obr. 7. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku zubů ze Semonice (vz. SZ108-3).
- Obr. 8. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku půdy ze Semonice (vz. SS234).
- Obr. 9. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku odebraného ze zubu v Hostivici (vz. HZ1399).
- Obr. 10. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku odebraného ze zubu v Hostivici (vz. HZ1487B).
- Obr. 11. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících rodů u vzorku odebraného ze zubu v Hostivici (vz. HZ1491).

12 SEZNAM TABULEK

- Tab. 1. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku zubu ze Semonic (vz. SZ108-3). Identifikováno celkem 435 taxonomických kategorií na úrovni rodu. Tato tabulka zobrazuje prvních 8 ze 435 klasifikací.
- Tab. 2. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku půdy ze Semonic (vz. SS234).
- Tab. 3. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1399).
- Tab. 4. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1487B).
- Tab. 5. Nejčastěji zastoupené rody ve vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1491).
- Tab. 6. Přehled patogenů identifikovaných v zubu ze Semonic (vz. SZ 108-3).
- Tab. 7. Přehled patogenů identifikovaných v zubu z Hostivice (vz. HZ 1399).

13 SEZNAM PŘÍLOH

13.1 SEZNAM OBRÁZKŮ V PŘÍLOZE

- Obr. 1. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku ze zubu ze Semonic (vz. SZ108-3). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 1. v příloze.
- Obr. 2. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku půdy ze Semonic (vz. SS234). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 2. v příloze.
- Obr. 3. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1399). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 3. v příloze.
- Obr. 4. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1487B). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 4. v příloze.

- Obr. 5. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1491). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 5. v příloze.

13.2 SEZNAM TABULEK V PŘÍLOZE

- Tab. 1. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií, ze zubu v Semonicích (vz. SZ108-3).
- Tab. 2. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií z půdy ze Semonic (vz. SS234).
- Tab. 3. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií ze zubu z Hostivice (vz. HZ1399).
- Tab. 4. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií ze zubu z Hostivice (vz. HZ1487B).
- Tab. 5. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií ze zubu z Hostivice (vz. HZ1491).
- Tab. 6. Přímý výstup z Illumina softwaru ve formě taxonomického členění sekvenovaného materiálu, Hostivice zub (vz. HZ1399).

14 PŘÍLOHY

Tab. 1. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií, ze zubu v Semonicích (vz. SZ108-3).

	OTU sekvence	Rod bakterií	
1	60833953	<i>Corynebacterium</i>	A
2	17618215	<i>Acinetobacter</i>	A
3	14901836	<i>Sphingomonas</i>	A
4	10684757	<i>Actinomyces</i>	A
5	9846197	<i>Pseudomonas</i>	A
6	9643864	<i>Streptomyces</i>	A
7	12597303	<i>Nitrospira</i>	B
8	6086324	<i>Lautropia</i>	B
9	5962723	<i>Chryseobacterium</i>	A
10	5713260	<i>Nocardioides</i>	B
11	5576716	<i>Methylobacterium</i>	A
12	5370161	<i>Paracoccus</i>	A
13	5281460	<i>Roseomonas</i>	A
14	4845954	<i>Bradyrhizobium</i>	A
15	4781263	<i>Friedmanniella</i>	A
16	4752993	<i>Blastococcus</i>	A
17	4506850	<i>Luteolibacter</i>	C
18	4364398	<i>Desulfosporosinus</i>	C
19	4041986	<i>Nocardioides</i>	B
20	3924982	<i>Sediminibacterium</i>	A
21	3924286	<i>Williamsia</i>	A
22	3596429	<i>Flavobacterium</i>	B
23	3145807	<i>Enterobacter</i>	C
24	2601272	<i>Granulicatella</i>	A
25	2573930	<i>Micrococcus</i>	A

26	2404528	<i>Massilia</i>	B
27	2344439	<i>Enhydrobacter</i>	A
28	2183895	<i>Delftia</i>	A
29	2165939	<i>Pedomicrobium</i>	A
30	2157780	<i>Aestuariimicrobium</i>	C
31	2154772	<i>Paenibacillus</i>	B
32	1964493	<i>Aeromonas</i>	B
33	1952433	<i>Actinomadura</i>	A
34	1735611	<i>Paenarthrobacter</i>	B
35	1694929	<i>Caulobacter</i>	A
36	1694195	<i>Phenylobacterium</i>	A
37	1689910	<i>Variovorax</i>	C
38	1618993	<i>Aggregatibacter</i>	B
39	1611988	<i>Rhodoplanes</i>	A
40	1610536	<i>Altererythrobacter</i>	B
41	1557179	<i>Marinomonas</i>	B
42	1556106	<i>Alicyclobacillus</i>	C
43	1546409	<i>Paucibacter</i>	A
44	1546046	<i>Ensifer</i>	A
45	1428388	<i>Luteimonas</i>	C
46	1424724	<i>Novosphingobium</i>	A
47	1399664	<i>Pantoea</i>	B
48	1398885	<i>Cellulomonas</i>	C
49	1394317	<i>Ramlibacter</i>	A
50	1393791	<i>Pseudonocardia</i>	A
51	1369910	<i>Enhydrobacter</i>	A
52	1340050	<i>Micrococcus</i>	A
53	1328210	<i>Brevibacterium</i>	B
54	1327747	<i>Taibaiella</i>	A
55	1321949	<i>Aeromicrobium</i>	B

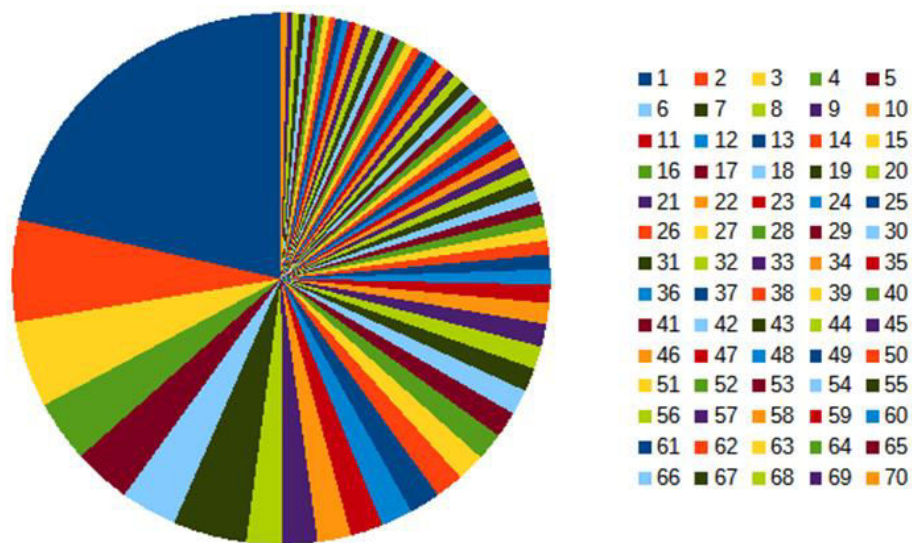
56	1311059	<i>Blautia</i>	A
57	1273848	<i>Mycobacterium</i>	A
58	1200765	<i>Pedobacter</i>	B
59	1198611	<i>Geodermatophilus</i>	A
60	1164310	<i>Anaerococcus</i>	C
61	1092336	<i>Sutterella</i>	A
62	1054845	<i>Saccharibacillus</i>	C
63	1054343	<i>Dongia</i>	A
64	1048117	<i>Methylocaldum</i>	A
65	1047929	<i>Sporosarcina</i>	C
66	1045779	<i>Chitinophaga</i>	B
67	1043555	<i>Roseococcus</i>	A
68	1028774	<i>Coxiella</i>	B
69	979053	<i>Brachybacterium</i>	C
70	978703	<i>Microbispora</i>	B

Vysvětlivky:

A – rody vyskytující se u všech sledovaných vzorků

B – rody vyskytující se u dvou až tří vzorků

C – rody vyskytující se jen u konkrétního vzorku v prvních 70 nejrozšířenějších



Obr. 1. Výšečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku ze zubu ze Semonic (vz. SZ108-3). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 1. v příloze.

Tab. 2. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií z půdy ze Semonice (vz. SS234).

	OTU sekvence	Rod bakterií	
1	70452503	<i>Corynebacterium</i>	A
2	15333740	<i>Pseudomonas</i>	A
3	15262449	<i>Sphingomonas</i>	A
4	14187127	<i>Streptomyces</i>	A
5	9569918	<i>Flavobacterium</i>	B
6	8082785	<i>Bryobacter</i>	B
7	7957023	<i>Chitinophaga</i>	B
8	7335712	<i>Paracoccus</i>	A
9	7290821	<i>Novosphingobium</i>	B
10	6590932	<i>Pseudonocardia</i>	A
11	6086324	<i>Lautropia</i>	B
12	6024228	<i>Acinetobacter</i>	A
13	5755261	<i>Devosia</i>	A
14	5407069	<i>Bradyrhizobium</i>	A
15	5322110	<i>Sediminibacterium</i>	A
16	5272595	<i>Fimbrimonas</i>	C
17	4987266	<i>Enhydrobacter</i>	A
18	4930535	<i>Gaiella</i>	C
19	4718167	<i>Methylobacterium</i>	A
20	4537778	<i>Roseomonas</i>	A
21	4506110	<i>Taibaiella</i>	A
22	4304417	<i>Mesorhizobium</i>	C
23	4165847	<i>Micrococcus</i>	A
24	3762789	<i>Rhodobacter</i>	B
25	3729105	<i>Actinomyces</i>	A
26	3673715	<i>Gemmatimonas</i>	C
27	3472434	<i>Pseudoxanthomonas</i>	A
28	3093270	<i>Actinomadura</i>	A
29	2985149	<i>Brevibacterium</i>	B
30	2946067	<i>Sphingopyxis</i>	B
31	2933335	<i>Bacillus</i>	B
32	2814888	<i>Haliangium</i>	C
33	2721014	<i>Methylibium</i>	C

34	2500163	<i>Sphingobium</i>	B
35	2271588	<i>Friedmanniella</i>	A
36	2165939	<i>Pedomicrobium</i>	A
37	2149837	<i>Intrasporangium</i>	C
38	1914777	<i>Chryseobacterium</i>	A
39	1866383	<i>Hydrogenispora</i>	C
40	1741795	<i>Cellvibrio</i>	C
41	1703368	<i>Massilia</i>	B
42	1654142	<i>Mycobacterium</i>	A
43	1651476	<i>Stenotrophomonas</i>	B
44	1646858	<i>Janthinobacterium</i>	A
45	1557179	<i>Marinomonas</i>	A
46	1546409	<i>Paucibacter</i>	A
47	1546046	<i>Ensifer</i>	A
48	1544066	<i>Filimonas</i>	C
49	1408302	<i>Conexibacter</i>	C
50	1394317	<i>Ramlibacter</i>	A
51	1387169	<i>Salinicoccus</i>	B
52	1378503	<i>Deinococcus</i>	C
53	1377210	<i>Gordonia</i>	B
54	1332610	<i>Singulisphaera</i>	C
55	1325780	<i>Lysinimonas</i>	C
56	1311059	<i>Blautia</i>	C
57	1292640	<i>Williamsia</i>	A
58	1240737	<i>Actinomycetospora</i>	C
59	1237399	<i>Blastococcus</i>	A
60	1198611	<i>Geodermatophilus</i>	A
61	1109836	<i>Delftia</i>	A
62	1092336	<i>Sutterella</i>	B
63	1048117	<i>Methylocaldum</i>	A
64	1043555	<i>Roseococcus</i>	A
65	1039549	<i>Rhodanobacter</i>	C
66	978837	<i>Mucilagibacter</i>	B
67	978703	<i>Microbispora</i>	C
68	974490	<i>Pantoea</i>	B

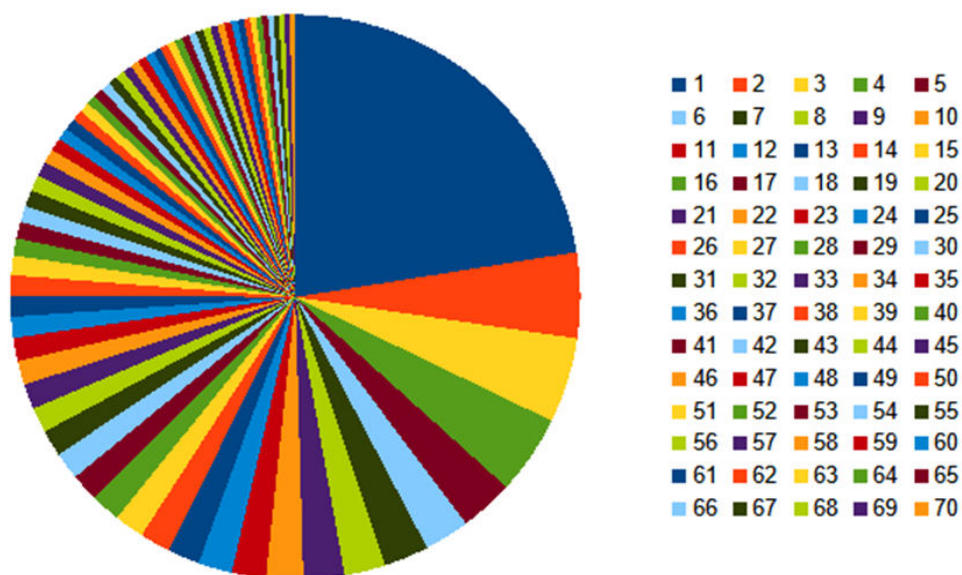
69	972385	<i>Sorangium</i>	B
70	971464	<i>Nevskia</i>	C

Vysvětlivky:

A – rody vyskytující se u všech sledovaných vzorků

B – rody vyskytující se u dvou až tří vzorků

C – rody vyskytující se jen u konkrétního vzorku v prvních 70 nejrozšířenějších



Obr. 2. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku půdy ze Semonice (vz. SS234). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 2. v příloze.

Tab. 3. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií ze zubu z Hostivice (vz. HZ1399).

	OTU sekvence	Rod bakterií	
1	21463364	<i>Corynebacterium</i>	A
2	14363092	<i>Sphingomonas</i>	A
3	13215783	<i>Acinetobacter</i>	A
4	9616282	<i>Bradyrhizobium</i>	A
5	7874889	<i>Caulobacter</i>	A
6	6988722	<i>Phenylobacterium</i>	A
7	6552849	<i>Roseomonas</i>	A
8	5357711	<i>Sediminibacterium</i>	A
9	4547347	<i>Pseudomonas</i>	A
10	4340619	<i>Methylobacterium</i>	A
11	4322650	<i>Pseudonocardia</i>	A
12	4315601	<i>Micrococcus</i>	A
13	4040949	<i>Hymenobacter</i>	C
14	3950635	<i>Afipia</i>	A
15	3854997	<i>Blautia</i>	A
16	3844005	<i>Brevundimonas</i>	A
17	3793396	<i>Actinomadura</i>	A
18	3144376	<i>Haemophilus</i>	C
19	2887355	<i>Agrobacterium</i>	B
20	2868283	<i>Aggregatibacter</i>	B
21	2402530	<i>Beijerinckia</i>	B
22	2193416	<i>Streptomyces</i>	A
23	2165939	<i>Pedomicrobium</i>	A
24	2158546	<i>Brochothrix</i>	B
25	2157131	<i>Actinocorallia</i>	C
26	2148680	<i>Delftia</i>	A
27	1847231	<i>Ramlibacter</i>	A
28	1723607	<i>Rhodoplanes</i>	A
29	1723026	<i>Novosphingobium</i>	A
30	1698756	<i>Desulfitobacter</i>	C
31	1652030	<i>Curtobacterium</i>	C
32	1618139	<i>Leptotrichia</i>	B

33	1609597	<i>Gordonia</i>	B
34	1600490	<i>Mycoplana</i>	C
35	1546409	<i>Paucibacter</i>	A
36	1546046	<i>Ensifer</i>	A
37	1530920	<i>Rhodopseudomonas</i>	A
38	1530786	<i>Thermoanaerobacteriu</i>	B
39	1437082	<i>Sinosporangium</i>	C
40	1409857	<i>Alpha</i>	C
41	1349984	<i>Blastococcus</i>	A
42	1299962	<i>Granulicatella</i>	A
43	1291028	<i>Rothia</i>	A
44	1283181	<i>Belnapia</i>	A
45	1277222	<i>Rhodovarius</i>	A
46	1198611	<i>Geodermatophilus</i>	A
47	1054343	<i>Dongia</i>	A
48	1048117	<i>Methylocaldum</i>	A
49	1043555	<i>Roseococcus</i>	A
50	1040711	<i>Variibacter</i>	B
51	1019349	<i>Enhydrobacter</i>	A
52	999923	<i>Kaistobacter</i>	C
53	985028	<i>Porphyromonas</i>	B
54	981086	<i>Rhodobacter</i>	B
55	979075	<i>Gelria</i>	C
56	978476	<i>Nitrobacter</i>	B
57	858711	<i>Rikenellaceae</i>	C
58	837020	<i>Christensenellaceae</i>	C
59	832033	<i>Pseudarthrobacter</i>	B
60	816427	<i>Amphiplicatus</i>	C
61	816341	<i>Acidiphilium</i>	B
62	807021	<i>Rubrivivax</i>	C
63	791925	<i>Oscillospira</i>	A
64	770250	<i>Hyphomicrobium</i>	A
65	769725	<i>Taibaiella</i>	A
66	768758	<i>Colwellia</i>	B
67	724296	<i>Leuconostoc</i>	C

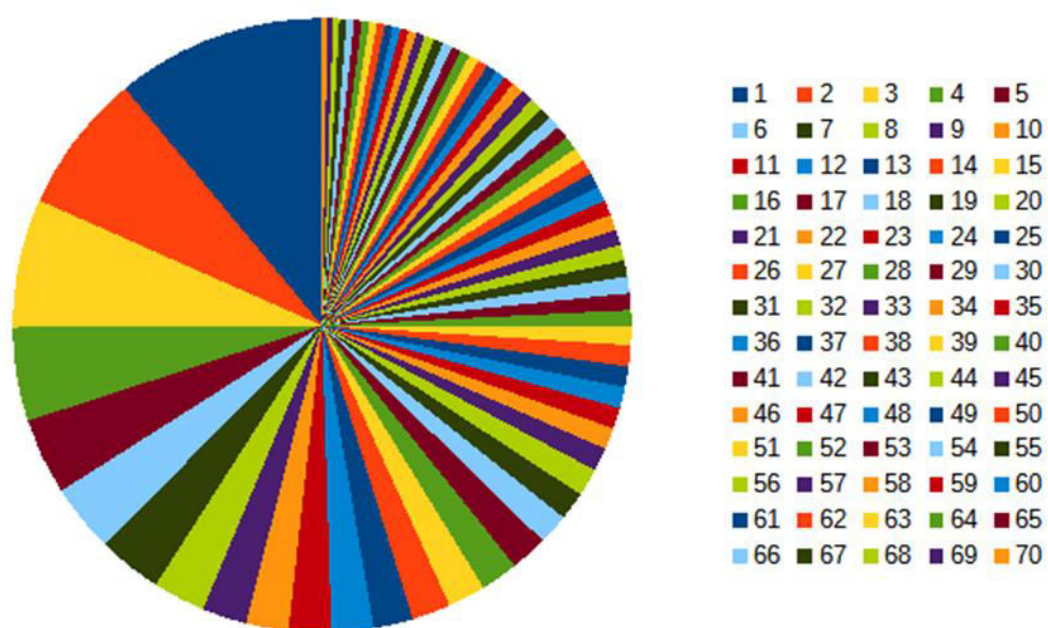
68	626770	<i>Methylosira</i>	B
69	587471	<i>Methylosinus</i>	B
70	550375	<i>Pseudoxanthomonas</i>	A

Vysvětlivky:

A – rody vyskytující se u všech sledovaných vzorků

B – rody vyskytující se u dvou až tří vzorků

C – rody vyskytující se jen u konkrétního vzorku v prvních 70 nejrozšířenějších



Obr. 3. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1399). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 3. v příloze.

Tab. 4. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií ze zubu z Hostivice (vz. HZ1487B).

	OTU sekvence	Rod bakterií	
1	39281597	<i>Corynebacterium</i>	A
2	9905981	<i>Bradyrhizobium</i>	A
3	9309736	<i>Roseococcus</i>	A
4	7420618	<i>Phenylobacterium</i>	A
5	7193906	<i>Methylobacterium</i>	A
6	6314895	<i>Sphingomonas</i>	A
7	5615265	<i>Sediminibacterium</i>	A
8	5296563	<i>Caulobacter</i>	A
9	4781735	<i>Actinomyces</i>	A
10	3936041	<i>Micrococcus</i>	A
11	3825112	<i>Brevundimonas</i>	A
12	2924669	<i>Actinomadura</i>	A
13	2735651	<i>Pseudonocardia</i>	A
14	2503862	<i>Pedomicrobium</i>	A
15	2415836	<i>Bryobacter</i>	B
16	2363951	<i>Acinetobacter</i>	A
17	2341687	<i>Novosphingobium</i>	A
18	2196197	<i>Pedobacter</i>	B
19	2016867	<i>Streptomyces</i>	A
20	1892544	<i>Paenarthrobacter</i>	B
21	1874435	<i>Blautia</i>	A
22	1801364	<i>Dyadobacter</i>	C
23	1570052	<i>Aeromicrobium</i>	B
24	1530920	<i>Rhodopseudomonas</i>	A
25	1394317	<i>Ramlibacter</i>	A
26	1381128	<i>Rhodococcus</i>	B
27	1331967	<i>Flavisolibacter</i>	C
28	1283181	<i>Belnapia</i>	A
29	1198611	<i>Geodermatophilus</i>	A
30	1181302	<i>Rhodoplanes</i>	A
31	1145469	<i>Devosia</i>	A
32	1111578	<i>Rubellimicrobium</i>	C
33	1100990	<i>Arthrobacter</i>	C

34	1019349	<i>Enhydrobacter</i>	A
35	982825	<i>Pseudomonas</i>	A
36	981071	<i>Tetrasphaera</i>	C
37	925042	<i>Pseudarthrobacter</i>	B
38	888136	<i>Paracoccus</i>	A
39	831471	<i>Bosea</i>	B
40	809172	<i>Methylosinus</i>	B
41	791925	<i>Oscillospira</i>	A
42	783002	<i>Acidicaldus</i>	C
43	770250	<i>Hyphomicrobium</i>	A
44	754810	<i>Afipia</i>	A
45	743873	<i>Acidiphilium</i>	B
46	730451	<i>Acidovorax</i>	C
47	694310	<i>Roseburia</i>	B
48	626770	<i>Methylorosula</i>	B
49	625862	<i>Asticcacaulis</i>	B
50	621715	<i>Salinicoccus</i>	B
51	598819	<i>Sorangium</i>	B
52	550375	<i>Pseudoxanthomonas</i>	A
53	533583	<i>Kaistia</i>	C
54	533249	<i>Yersinia</i>	D
55	461248	<i>Actinoallomurus</i>	C
56	449216	<i>Mucilaginibacter</i>	B
57	425689	<i>Lactobacillus</i>	C
58	402324	<i>Azospirillum</i>	C
59	393895	<i>Granulicatella</i>	B
60	390501	<i>Bacillus</i>	B
61	386381	<i>Catenibacterium</i>	C
62	382083	<i>Rhodocytophaga</i>	C
63	356783	<i>Agromyces</i>	C
64	350831	<i>Altererythrobacter</i>	A
65	350442	<i>Actinophytocola</i>	C
66	302886	<i>Coxiella</i>	B
67	291612	<i>Acidisphaera</i>	C
68	265035	<i>Microbacterium</i>	C

69	260172	<i>Erythrobacter</i>	C
70	258598	<i>Sphingopyxis</i>	B

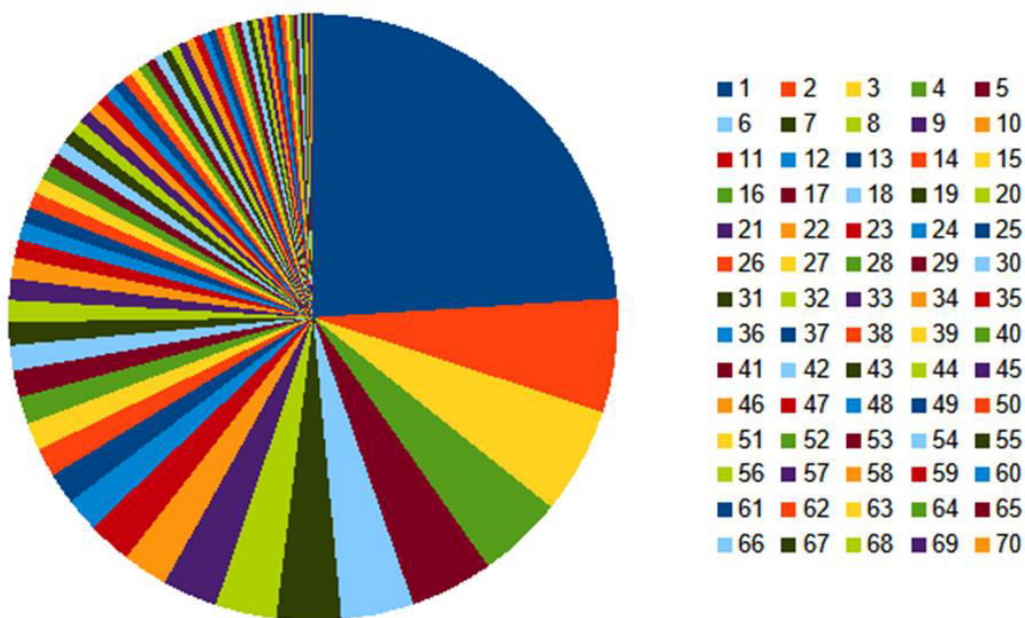
Vysvětlivky:

A – rody vyskytující se u všech sledovaných vzorků

B – rody vyskytující se u dvou až tří vzorků

C – rody vyskytující se jen u konkrétního vzorku v prvních 70 nejrozšířenějších

D – rod nepůdní, patogenní bakterie, v této práci není blíže rozebírán



Obr. 4. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1487B). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 4. v příloze.

Tab. 5. Přehled 70 rodů nejvíce se vyskytujících půdních bakterií ze zubu z Hostivice (vz. HZ1491).

	OTU sekvence	Rod bakterií	
1	22044839	<i>Corynebacterium</i>	A
2	12221509	<i>Bradyrhizobium</i>	A
3	8840765	<i>Phenylobacterium</i>	A
4	8687547	<i>Sphingomonas</i>	A
5	7752465	<i>Nitrospira</i>	B
6	7565129	<i>Leptotrichia</i>	B
7	6711589	<i>Caulobacter</i>	A
8	6542897	<i>Stenotrophomonas</i>	B
9	6368788	<i>Roseomonas</i>	A
10	6270460	<i>Mycobacterium</i>	A
11	5357711	<i>Sediminibacterium</i>	A
12	5282119	<i>Acinetobacter</i>	A
13	5201377	<i>Friedmanniella</i>	A
14	5112126	<i>Rhodoplanes</i>	A
15	4808457	<i>Actinomadura</i>	A
16	3890003	<i>Micrococcus</i>	A
17	3725712	<i>Afipia</i>	A
18	3451816	<i>Methylobacterium</i>	A
19	2822896	<i>Brevundimonas</i>	A
20	2694601	<i>Pseudomonas</i>	A
21	2657357	<i>Asticcacaulis</i>	B
22	2402530	<i>Beijerinckia</i>	B
23	2165939	<i>Pedomicrobium</i>	A
24	2158546	<i>Brochothrix</i>	B
25	2156781	<i>Rhodococcus</i>	B
26	2110845	<i>Bosea</i>	B
27	2058430	<i>Agrobacterium</i>	B
28	2035720	<i>Streptomyces</i>	A
29	1911885	<i>Planctomyces</i>	C
30	1895330	<i>Ensifer</i>	A
31	1859552	<i>Paracoccus</i>	A
32	1807814	<i>Carnobacterium</i>	C
33	1744348	<i>Pseudonocardia</i>	A

34	1723026	<i>Novosphingobium</i>	A
35	1716230	<i>Marinobacter</i>	C
36	1530920	<i>Rhodopseudomonas</i>	A
37	1530786	<i>Thermoanaerobacteriu</i>	B
38	1399530	<i>Dongia</i>	A
39	1394317	<i>Ramlibacter</i>	A
40	1349984	<i>Blastococcus</i>	A
41	1349313	<i>Blautia</i>	A
42	1317682	<i>Jatrophihabitans</i>	C
43	1292640	<i>Williamsia</i>	A
44	1291028	<i>Rothia</i>	A
45	1288208	<i>Porphyromonas</i>	B
46	1283181	<i>Belnapia</i>	A
47	1277222	<i>Rhodovarius</i>	A
48	1216595	<i>Niastella</i>	C
49	1198611	<i>Geodermatophilus</i>	A
50	1184225	<i>Peptoniphilus</i>	C
51	1180713	<i>Paenibacillus</i>	B
52	1048117	<i>Methylocaldum</i>	A
53	1043555	<i>Roseococcus</i>	A
54	1040711	<i>Variibacter</i>	B
55	1027682	<i>Devosia</i>	A
56	1021618	<i>Pleomorphomonas</i>	C
57	1019349	<i>Enhydrobacter</i>	A
58	982183	<i>Aeromonas</i>	B
59	970137	<i>Nitrobacter</i>	B
60	846706	<i>Gluconacetobacter</i>	C
61	832033	<i>Pseudarthrobacter</i>	B
62	817780	<i>Tsukamurella</i>	C
63	808908	<i>Steroidobacter</i>	C
64	791925	<i>Oscillospira</i>	A
65	787764	<i>Sphingobium</i>	B
66	770250	<i>Hyphomicrobium</i>	A
67	769725	<i>Taibaiella</i>	A
68	768758	<i>Colwellia</i>	B

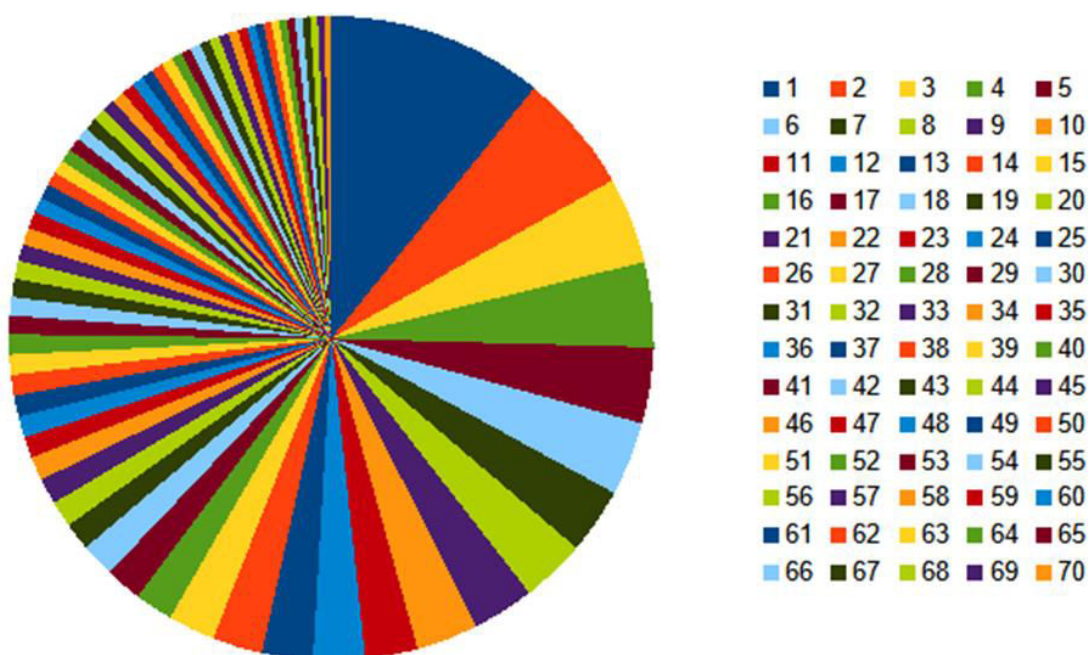
69	705534	<i>Ruminococcus</i>	C
70	694310	<i>Roseburia</i>	B

Vysvětlivky:

A – rody vyskytující se u všech sledovaných vzorků

B – rody vyskytující se u dvou až tří vzorků

C – rody vyskytující se jen u konkrétního vzorku v prvních 70 nejrozšířenějších



Obr. 5. Výsečový graf zobrazuje poměrné zastoupení nejvíce se vyskytujících půdních rodů u vzorku zubu z Hostivice (vz. HZ1491). Vysvětlivky čísel jsou v Tab. 5. v příloze.

Tab. 6. Přímý výstup z Illumina softwaru ve formě taxonomického členění sekvenovaného materiálu, Hostivice zub (vz. HZ1399).

#OTU	ID	joined	taxonomy							
CID_1189009	63	k__Bacteria;	p_;	c_;	o_;	f_;	g_;	s_		
CID_106028	4951	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Chitinophagales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s_		
CID_329109	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_91851	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s_		
CID_91852	174	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__Sphingomonas	asaccharolytica	
CID_1213955	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_109919	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Psychrobacter;	s__Psychrobacter	marincola	
CID_1043696	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f_;	g_;	s_		
CID_4980	196	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__Acetobacter;	s_		
CID_10058	1612	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_354062	35	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	saprophyticus	
CID_13882	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingopyxis;	s__81604		
CID_1388503	175	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_15734	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g_;	s_		
CID_381590	33	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Leuconostocaceae;	g__Leuconostoc;	s_		
CID_85175	30	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s_		
CID_330617	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s_		
CID_298291	75	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	Incertae	sedis;	g__Rhizomicrobium;	s_
CID_1658768	14	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g_;	s_		
CID_5516	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Enterococcaceae;	g__Tetragenococcus;	s__Tetragenococcus	halophilus	
CID_1334985	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s_		
CID_1651871	85	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__Roseomonas	mucosa	
CID_21880	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g_;	s_		
CID_48462	470	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_302091	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	equorum	
CID_370075	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__Brevundimonas	diminuta	
CID_1058961	18	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Neisseriaceae;	g_;	s_		
CID_8715	39	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingobium;	s_		
CID_370079	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__Brevundimonas	diminuta	
CID_257623	18	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s_		
CID_550375	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Xanthomonadales;	f__Xanthomonadaceae;	g__Pseudoxanthomonas;	s_		
CID_559874	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s_		

CID_8826	11	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Nocardiaceae;	g__Nocardia;	s__		
CID_9531	425	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__1174-901-12;	g__;	s__		
CID_148929	81	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococaceae;	g__Streptococcus;	s__		
CID_19846	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Gammaproteobacteria	incertae	sedis;	f__;	g__;	s__
CID_17090	5	k__Bacteria;	p__Planctomycetes;	c__Planctomycetacia;	o__Planctomycetales;	f__Planctomycetaceae;	g__;	s__		
CID_3775	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Legionellales;	f__Coxiellaceae;	g__Coxiella;	s__		
CID_1268086	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_1032481	5	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_975272	121	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Chitinophagales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__		
CID_6895	3	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Flavobacteriia;	o__Flavobacteriales;	f__Flavobacteriaceae;	g__Maribacter;	s__		
CID_9283	7	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteriia;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Flaviumibacter;	s__		
CID_2168407	6	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	haemolyticus	
CID_168153	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__		
CID_461408	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Nocardiopsaceae;	g__Allosalinactinospora;	s__		
CID_2957	30	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Thermoactinomycetaceae;	g__;	s__		
CID_2954	94	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Thermoactinomycetaceae;	g__Thermo flavimicrobium;	s__Thermo flavimicrobium	g+c	gram-positive
CID_266652	189	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_769522	4	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_2973	4	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Cyanobacteria;	o__Subsectioniii;	f__Familyi;	g__Phormidium;	s__		
CID_154174	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__Rhizomicrobium;	s__
CID_461717	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Nitriliruptoria;	o__Nitriliruptorales;	f__;	g__;	s__		
CID_156933	7	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococaceae;	g__Paenarthrobacter;	s__Paenarthrobacter	sp.	ecr4
CID_122320	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Moraxella;	s__		
CID_1068479	13	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_1045205	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_308324	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Enterobacteriales;	f__Enterobacteriaceae;	g__Gluconacetobacter;	s__		
CID_1694929	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Caulobacter;	s__		
CID_451944	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardaceae;	g__Pseudonocardia;	s__		
CID_767582	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__Bradyrhizobium	sp.	j81
CID_296042	332	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_246252	8	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococaceae;	g__Arthrobacter;	s__		
CID_148994	5	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteriia;	o__Sphingobacteriales;	f__Lentimicrobiaceae;	g__;	s__		
CID_34018	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Burkholderiaceae;	g__Mycoavidus;	s__		
CID_1335844	6	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteriia;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__;	s__		

CID_448709	4	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Bacteroidales;	f__Rikenellaceae;	g__;	s__	
CID_110362	3	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micromonosporales;	f__Micromonosporaceae;	g__;	s__	
CID_511861	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Agrobacterium;	s__	
CID_364387	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__;	s__	
CID_1276057	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus
CID_1530786	4	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Thermoanaerobacterales;	f__Thermoanaerobacteraceae;	g__Thermoanaerobacteriu;	s__	
CID_1072283	33	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_40836	343	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Cytophagales;	f__Hymenobacteraceae;	g__Hymenobacter;	s__	
CID_81410	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Hyphomicrobium;	s__	
CID_40838	42	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Cytophagales;	f__Hymenobacteraceae;	g__Hymenobacter;	s__	
CID_1198611	13	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Geodermatophilus;	s__	
CID_1426851	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_307369	8	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__;	s__	
CID_107039	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Devosia;	s__	
CID_504318	170	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__	
CID_832029	166	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_14036	318	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	sciuri
CID_625179	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_394417	9	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_6673	32	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Agrobacterium;	s__	
CID_250386	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Kaistobacter;	s__	
CID_10317	989	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_50802	645	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__Roseomonas	sp. r-1
CID_2163945	6	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_15744	2	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__	
CID_175240	5009	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_6074	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Paenibacillaceae;	g__Paenibacillus;	s__	
CID_266083	448	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__Roseomonas	mucosa
CID_330602	82	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__	
CID_8929	90	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Telmatospirillum;	s__Telmatospirillum	ls-2
CID_1072629	63	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_41122	27	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_36254	2	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Catenulesporales;	f__Actinospicaceae;	g__Actinospica;	s__645283	
CID_1221415	2	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__Corynebacterium	dunum

CID_294759	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Thermoleophilia;	o__Gaeilales;	f__;	g__;	s__	
CID_47939	11	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_1358034	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Family	xi;	g__;	s__
CID_298247	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__	
CID_175675	11	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_511669	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_3598	16	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Nkb5;	f__Gamma	proteobacterium;	g__Gamma	proteobacteria; s__
CID_335096	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Bdellovibrionales;	f__Bdellovibrionaceae;	g__Om27	clade;	s__
CID_3352	4	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__[eubacterium]	oxidoreducens	group; s__[eubacterium]
CID_1309764	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_2151626	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__;	g__Pseudomonas;	s__Pseudomonas	carboxy dohydrogena
CID_975648	103	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinomadura;	s__Actinomadura	vinacea
CID_39784	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Devosia;	s__	
CID_113039	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Methylosinus;	s__	
CID_39819	3	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_1309583	23	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus
CID_243660	5	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__	
CID_1264613	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_3767	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__;	s__	
CID_3766	19	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Korliimnadales;	f__Temperatibacteraceae;	g__Temperatibacter;	s__	
CID_8213	16	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Paenibacillaceae;	g__Paenibacillus;	s__	
CID_1658478	621	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__	
CID_465883	9	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_402324	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Azospirillum;	s__	
CID_285431	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Desulfovibrionales;	f__Desulfovibrionaceae;	g__Lawsonia;	s__	
CID_2168414	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	haemolyticus
CID_28234	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Ruminococcaceae;	g__Ruminococcus;	s__Ruminococcus	flavefaciens
CID_769317	5	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Caldilineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__	
CID_541804	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Tsukamurellaceae;	g__Tsukamurella;	s__Tsukamurella	solii
CID_1327834	14	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__	
CID_9278	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Spotsoc00m83;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_302300	3	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__	
CID_13506	105	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionicimonas;	s__	
CID_39765	167	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Rhodoplanes;	s__	

CID_416062	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	sp.	117
CID_265351	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__Bradyrhizobium	sp.	hms-o1
CID_258751	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	komagatae	
CID_25571	3	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Negativicutes;	o__Selenomonadales;	f__;	g__Bsv43;	s__		
CID_38963	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__		
CID_12320	6	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Desulfuromonadales;	f__Desulfuromonadaceae;	g__Desulfuromonas;	s__		
CID_330285	62	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_4248	15	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Bacillaceae;	g__Bacillus;	s__		
CID_147265	45	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__		
CID_15805	118	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Rhodoplanes;	s__		
CID_5349	4	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Eubacteriaceae;	g__Pseudoramibacter_eubacterium;	s__		
CID_382810	3	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Ruminococcaceae;	g__;	s__		
CID_97992	33	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Aggregatibacter;	s__		
CID_1170069	2	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	epidermidis	
CID_1140837	2	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinomadura;	s__Actinomadura	vinacea	
CID_93159	685	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__		
CID_1165005	1711	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Roseomonas;	s__Roseomonas	mucosa	
CID_1242422	52	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Hymenobacter;	s__		
CID_151134	12	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__;	s__		
CID_228963	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Rhodoplanes;	s__		
CID_172334	54	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__Pseudomonas	fragi	
CID_1134254	3	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_1041372	8	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Desulfurellales;	f__Desulfurellaceae;	g__H16;	s__		
CID_11678	37	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Nocardiaceae;	g__Nocardia;	s__		
CID_89914	17	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Family	xi;	g__Gemella;	s__	
CID_463631	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		
CID_209111	63	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Micrococcales;	o__Micrococcaceae;	f__;	g__Micrococcus;	s__Micrococcus	luteus	nctc
CID_48325	10	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Frankiales;	f__;	g__;	s__		
CID_48324	22	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Frankiales;	f__;	g__;	s__		
CID_89540	11648	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_119624	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Steroidobacterales;	f__Steroidobacteraceae;	g__;	s__		
CID_40049	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__;	s__
CID_297690	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__		
CID_30326	13	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Kineosporiales;	f__Kineosporiaceae;	g__Kineococcus;	s__		

CID_81179	3	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteriia;	o__Sphingobacteriales;	f__Saprospiraceae;	g__;	s__	
CID_40044	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Hyphomonadaceae;	g__;	s__	
CID_439989	14	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__;	s__	
CID_295231	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodovibrionales;	f__Kiloniellaceae;	g__;	s__	
CID_396208	7	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Ruminococcaceae;	g__Oscillospira;	s__	
CID_832033	8	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Pseudarthrobacter;	s__	
CID_85073	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Actinobacillus;	s__	
CID_85074	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Aggregatibacter;	s__	
CID_46653	93	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Arthrobacter;	s__Arthrobacter	sp.
CID_105616	29	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteriia;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__	rh-19
CID_1665952	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__;	s__	
CID_5574	326	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingobium;	s__	
CID_7441	11	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Nocardiaceae;	g__Nocardia;	s__	
CID_14755	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Ruminococcaceae;	g__Papillibacter;	s__	
CID_19311	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Oxalobacteraceae;	g__Oxalobacter;	s__	
CID_543968	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__;	s__	
CID_93821	42	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__;	s__	
CID_155830	2406	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Methylobacterium;	s__	
CID_3581	311	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Salinarimonas;	s__	
CID_783051	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Xanthomonadales;	f__;	g__;	s__	
CID_3344	16	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__;	s__	
CID_1349984	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Frankiales;	f__Geodermatophilaceae;	g__Blastococcus;	s__	
CID_50039	8	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Coriobacteriia;	o__Coriobacteriales;	f__Eggerthellaceae;	g__Slackia;	s__	
CID_658202	7	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__	
CID_21792	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Agrobacterium;	s__Agrobacterium	paenibacillus
CID_1068304	58	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_24564	5	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Leuconostocaceae;	g__Leuconostoc;	s__Leuconostoc	gelidum subsp.
CID_227171	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bosea;	s__	
CID_47327	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Xanthomonadales;	f__;	g__;	s__	
CID_13358	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__	
CID_7133	190	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenylobacterium;	s__	
CID_1085457	5	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_13754	2	k__Bacteria;	p__Tm6	(dependentiae);	c__;	o__;	f__;	g__;	s__
CID_35838	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__;	g__;	s__	

CID_432697	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Dorea;	s__		
CID_3750	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__;	s__		
CID_1109836	21	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Delftia;	s__		
CID_3757	2	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Cyanobacteria;	o__Subsectioniii;	f__Familyi;	g__Phormidium;	s__		
CID_309306	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Citricoccus;	s__Citricoccus	alkalitolerans	
CID_619720	208	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_363560	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_1297532	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_867050	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_2971	11	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Cyanobacteria;	o__Subsectioniii;	f__Familyi;	g__Pseudanabaena;	s__		
CID_833178	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_84133	44	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Streptosporangiaceae;	g__Streptosporangium;	s__		
CID_47103	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_43337	2	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_39770	14	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Dichotomicrobium;	s__		
CID_983132	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__;	s__		
CID_238244	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bradyrhizobium;	s__		
CID_43597	4	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Bacteroidales;	f__Porphyromonadaceae;	g__Macellibacteroides;	s__		
CID_246759	89	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_23927	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Filomicrobium;	s__		
CID_281942	38	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Roseburia;	s__		
CID_506263	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_16584	23	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__;	s__		
CID_17056	3	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Caldilineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__		
CID_1324598	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_1027171	3	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Anaerolineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__		
CID_34477	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Thermovum;	s__Thermovum	composti	
CID_1443140	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Alphaproteobacteria	incertae	sedis;	f__;	g__;	s__
CID_282012	4	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Blautia;	s__		
CID_377119	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__;	s__		
CID_111598	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__		
CID_13108	4	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Enterococcaceae;	g__Enterococcus;	s__		
CID_167669	4	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Peptococcaceae;	g__Sporotomaculum;	s__		
CID_1001618	109	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		

CID_155246	9	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	caprae	
CID_12312	21	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Thiotrichales;	f__Thiotrichaceae;	g__;	s__		
CID_1316809	33	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_292630	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Micrococcus;	s__		
CID_1291717	14	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_95146	142	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_297681	51	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__		
CID_364295	18	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_1438905	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Sar324	clade(marine	group	b);	f__;	g__;
CID_292254	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rickettsiales;	f__;	g__;	s__		
CID_386381	3	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Catenibacterium;	s__		
CID_3801	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Sinorhizobium;	s__		
CID_543390	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		
CID_226782	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylocystaceae;	g__Methyloinus;	s__		
CID_860670	4	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_48153	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__;	s__		
CID_19323	10	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Aestuariimicrobium;	s__		
CID_750415	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_294778	4	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__		
CID_226166	17	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__;	s__		
CID_2158546	11	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Listeriaceae;	g__Brochothrix;	s__Brochothrix	campestris	
CID_232387	15	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Nocardiaceae;	g__Gordonia;	s__		
CID_13507	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Bogoriellaceae;	g__N09;	s__		
CID_9326	100	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Beijerinckia;	s__Beijerinckia	indica	
CID_1013794	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		
CID_278327	4	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__;	s__		
CID_47356	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__;	s__		
CID_8473	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Nocardiaceae;	g__Nocardia;	s__		
CID_127504	9	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__		
CID_127500	24	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__		
CID_150942	11	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Rhodopila;	s__		
CID_619480	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__		
CID_86712	6	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Streptosporangiaceae;	g__Nonomurea;	s__		
CID_8872	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Novispirillum;	s__		

CID_350286	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Acidimicrobiia;	o__Microtrichales;	f__;	g__;	s__	
CID_146154	10	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Delftia;	s__	
CID_1027434	7	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Thermoleophila;	o__Solirubrobacterales;	f__Elev-168-1332;	g__;	s__	
CID_3749	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Bacillaceae;	g__Salibacterium;	s__	
CID_35795	309	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__	
CID_1323665	20	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__	
CID_35223	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Dermacoccaceae;	g__Dermacoccus;	s__	
CID_169631	109	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_42639	390	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	sciuri
CID_1397314	16	k__Bacteria;	p__Acidobacteria;	c__Thermoanaerobaculia;	o__Thermoanaerobaculales;	f__Thermoanaerobaculaceae;	g__;	s__	
CID_39587	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Devosiaceae;	g__Devosia;	s__	
CID_816427	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Parvularculales;	f__Parvularculaceae;	g__Amphiplicatus;	s__	
CID_39749	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Akyh478;	g__;	s__	
CID_28070	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Bdellovibrionales;	f__Bacteriovoracaceae;	g__;	s__	
CID_39743	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__Bauldia; s__
CID_39742	3	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_444754	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__	
CID_310933	19	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Anaerolineae;	o__Anaerolineales;	f__Anaerolineaceae;	g__Cl_b004;	s__	
CID_1164536	4	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_502178	10	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__	
CID_253400	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Vibrionales;	f__Vibrionaceae;	g__Photobacterium;	s__Photobacterium	angustum
CID_15828	10	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Ignavibacteria;	o__Ignavibacteriales;	f__Ignavibacteriaceae;	g__;	s__	
CID_436730	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_550297	8309	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__	
CID_246760	8	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__;	g__Corynebacterium;	s__	
CID_452209	28	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Aurantimonadaceae;	g__Aurantimonas;	s__Aurantimonas	1200b.634
CID_265712	22	k__Bacteria;	p__Acetothermia;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_113879	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Acidocella;	s__	
CID_342781	4	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Segetibacter;	s__	
CID_976785	41	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinomadura;	s__Actinomadura	vinacea
CID_305955	49	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__	
CID_350459	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Thermoleophila;	o__Gaiellales;	f__Gaiellaceae;	g__Gaiella;	s__	
CID_104135	223	k__Bacteria;	p__Planctomycetes;	c__Planctomycetacia;	o__Planctomycetales;	f__Planctomycetaceae;	g__Singularisphaera;	s__	
CID_452445	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Jeotgalicoccus;	s__Jeotgalicoccus	psychrophilus

CID_3810	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Cellvibrionales;	f__Spongiibacteraceae;	g__Bd1-7	clade;	s__	
CID_3814	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Alphaproteobacteria	incertae	sedis;	f__;	g__;	s__
CID_31783	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Hylemonella;	s__Hylemonella	gracilis	
CID_252628	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__		
CID_81590	5104	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococaceae;	g__Micrococcus;	s__Micrococcus	luteus	
CID_261474	5	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_503941	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Actinomycetales;	f__Actinomycetaceae;	g__Actinomyces;	s__Actinomyces	hominis	
CID_4484	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Streptomyces;	s__		
CID_330242	40	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_1319618	4	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Flavobacteriales;	f__Weeksellaceae;	g__;	s__		
CID_1153774	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_26231	9	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Cyanobacteria;	o__Subsectioni;	f__Familyi;	g__Cyanothecae;	s__		
CID_34537	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Thiopseudomonas;	s__		
CID_1278407	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_86485	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Actinobacillus;	s__Actinobacillus	porcinus	
CID_246280	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_368644	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bejerinckiaceae;	g__Bejerinckia;	s__		
CID_10322	129	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Delftia;	s__		
CID_444708	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__;	s__		
CID_1695224	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Phenylbacterium;	s__		
CID_97789	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Haemophilus;	s__		
CID_36592	79	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__		
CID_48166	13	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Flavisolibacter;	s__		
CID_329542	75	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__		
CID_33301	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__;	s__		
CID_672101	7	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_1334671	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		
CID_20537	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__;	s__		
CID_151616	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_408548	105	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Gammaproteobacteria	incertae	sedis;	f__;	g__;	s__
CID_298302	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Novosphingobium;	s__		
CID_169087	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__		
CID_5422	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Vibrionales;	f__Vibrionaceae;	g__Enterovibrio;	s__		
CID_619108	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacteriales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__		

CID_28440	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Xylophilus;	s__Xylophilus	ampelinus	
CID_246035	24	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_1019441	2268	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Beijerinckia;	s__		
CID_362118	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	organophilum	
CID_246515	199	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Bacillaceae;	g__Bacillus;	s__		
CID_78932	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Moraxella;	s__		
CID_1247291	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_1301479	22	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__		
CID_1164255	10	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Neisseriales;	f__Neisseriaceae;	g__;	s__		
CID_25940	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Bacillaceae;	g__Bacillus;	s__		
CID_126484	44	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Epulopiscium;	s__		
CID_769073	26	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Bd2-11	terrestrial	group;	o__;	f__;	g__;	s__
CID_39750	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__Bauldia;	s__
CID_39751	17	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Pedonicrobium;	s__		
CID_461570	37	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Anaerolineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__		
CID_25230	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Rubrivivax;	s__		
CID_285264	66	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		
CID_24891	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__;	g__Endolith;	s__		
CID_818926	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_42443	175	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__Phycoccus;	s__		
CID_77807	7175	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	epidemidis	atcc
CID_502161	522	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Caulobacter;	s__		
CID_9134	149	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__		
CID_252709	19	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bradyrhizobium;	s__		
CID_1299065	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_1291028	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Rothia;	s__		
CID_265035	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__Microbacterium;	s__Microbacterium	chocolatum	
CID_4360	10	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__		
CID_410898	17	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Leptothrix;	s__		
CID_17143	437	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__		
CID_429143	17	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__;	s__		
CID_436947	14	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Thermomicrobia;	o__Jg30-kf-cm45;	f__;	g__;	s__		
CID_1184120	5	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_544779	86	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		

CID_37501	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__Rhodobacter;	s__		
CID_105617	24	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__		
CID_449252	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_266139	49	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	johnsonii	
CID_40747	215	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__		
CID_40745	780	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_15541	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Peptococcaceae;	g__;	s__		
CID_553489	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_1410739	858	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Chitinophagales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__		
CID_1546046	13	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Ensifer;	s__Ensifer	sp.	jnvu
CID_1631933	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Haemophilus;	s__Haemophilus	parainfluenzae	
CID_85332	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Phyllobacteriaceae;	g__;	s__		
CID_17331	60	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_380963	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Dermabacteraceae;	g__Brachybacterium;	s__		
CID_298680	30	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__		
CID_92270	24	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__;	g__;	s__		
CID_1292416	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus	
CID_866110	766	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_653903	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_1057187	1355	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__		
CID_345795	44	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriales	incertae	sedis;	g__Rhodococcus;	s__
CID_7147	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Comamonas;	s__		
CID_80504	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Kineosporiales;	f__Kineosporiaceae;	g__Kineococcus;	s__		
CID_364178	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Gallibacterium;	s__		
CID_828925	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Agrobacterium;	s__		
CID_91655	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Xanthomonadales;	f__Xanthomonadaceae;	g__;	s__		
CID_91651	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sandaracinobacter;	s__		
CID_91650	108	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_1043555	95	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseococcus;	s__		
CID_8092	260	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__Janibacter;	s__Janibacter	sp.	yy-1
CID_84262	45	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_1246744	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_9419	7516	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Rhodoplanes;	s__		
CID_559952	2	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Cytophagia;	o__Cytophagales;	f__Cytophagaceae;	g__Hymenobacter;	s__		

CID_35244	18	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Bacillaceae;	g__Bacillus;	s__	
CID_381211	8	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Peptostreptococaceae;	g__Peptoclostridium;	s__	
CID_79320	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Mycobacteriaceae;	g__Mycobacterium;	s__Mycobacterium	celatum
CID_156882	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Actinobacillus;	s__	
CID_18926	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Stella;	s__	
CID_1195254	7	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Caulobacter;	s__	
CID_28096	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Ocs116	clade;	g__;	s__
CID_80379	15	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Mannheimia;	s__	
CID_39728	10	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardaceae;	g__Pseudonocardia;	s__	
CID_42059	13	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__	
CID_24883	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__	
CID_340013	20	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Devosia;	s__	
CID_9127	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Agrobacterium;	s__Agrobacterium	vitis
CID_1168040	1595	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__Roseomonas	mucosa
CID_431060	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__;	s__	
CID_155301	163	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Aggregatibacter;	s__Aggregatibacter	segnis
CID_43279	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Thermoleophilia;	o__Gaiellales;	f__;	g__;	s__	
CID_25110	49	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__	
CID_297838	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__;	s__	
CID_89769	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Epsilonproteobacteria;	o__Nautiliales;	f__Nautiliaceae;	g__;	s__	
CID_1399609	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Micropepsales;	f__Micropepsaceae;	g__;	s__	
CID_238618	465	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinomadura;	s__Actinomadura	vinacea
CID_4376	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Xanthomonadales;	f__Xanthomonadaceae;	g__Stenotrophomonas;	s__Stenotrophomonas	acidaminiphila
CID_1546409	24	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Paucibacter;	s__	
CID_452914	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Ramlibacter;	s__	
CID_31767	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sneathiellales;	f__Sneathiellaceae;	g__Phaeosporillum;	s__Phaeosporillum	fulvum
CID_4533	7	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Nocardiaceae;	g__Gordonia;	s__	
CID_17157	11	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__Paracoccus;	s__	
CID_11634	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Streptomyces;	s__Streptomyces	thermoatroviridis
CID_1376053	12	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Flavobacteriales;	f__Weeksellaceae;	g__;	s__	
CID_23205	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Hyphomonadaceae;	g__;	s__	
CID_172970	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__Corynebacterium	variabile
CID_1267334	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_131407	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococaceae;	g__Staphylococcus;	s__	

CID_94686	1107	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__		
CID_552619	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		
CID_16773	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Acidimicrobia;	o__Acidimicrobiales;	f__Acidimicrobiales	incertae	sedis;	g__Candidatus;	s__Candidatus
CID_16774	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Gammaproteobacteria	incertae	sedis;	f__;	g__Thiohalothabudus;	s__
CID_10699	4	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Chitinophagales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__		
CID_93009	39	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Pseudarthrobacter;	s__Pseudarthrobacter	sp.	kaza-36
CID_356628	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Streptomyces;	s__		
CID_252150	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Xanthomonadales;	f__Xanthomonadales	incertae	sedis;	g__Steroidobacter;	s__
CID_122015	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__		
CID_122014	21	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__		
CID_559556	33	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_166501	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__;	f__;	g__Acinetobacter;	s__		
CID_1014445	15	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Beijerinckia;	s__		
CID_156431	542	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Gammaproteobacteria	incertae	sedis;	f__;	g__;	s__
CID_365178	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__;	s__		
CID_105600	11	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacterales;	f__Chitinophagaceae;	g__;	s__		
CID_1040067	2	k__Bacteria;	p__Hydrogenedentes;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_737289	43	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_156349	10	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Micrococcus;	s__Micrococcus	luteus	
CID_1530920	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Rhodospseudomonas;	s__		
CID_6023	13	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__		
CID_15556	2	k__Bacteria;	p__Ws2;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_1027902	20	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Anaerolineae;	o__Calkilineales;	f__Calkilineaceae;	g__;	s__		
CID_157696	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Streptomyces;	s__		
CID_298921	209	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Chitinophagales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__		
CID_48103	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__Agromyces;	s__		
CID_722012	107	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacterales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_81917	463	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacterales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_45146	428	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__Neoasaia;	s__Neoasaia	chiangmaiensis	
CID_106229	22	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Micrococcus;	s__Micrococcus	lylae	
CID_112205	277	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	hominis	
CID_153051	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Cellulomonadaceae;	g__Paraoskovia;	s__Paraoskovia	chpr4	
CID_1649273	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_427680	70	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Haemophilus;	s__		

CID_48614	145	k__Bacteria;	p_;	c_;	o_;	f_;	g__Acinetobacter;	s__		
CID_754363	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_120520	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Arthrobacter;	s__		
CID_395717	18	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Ruminococcaceae;	g__Oscillospira;	s__		
CID_626770	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Methylosula;	s__		
CID_1247195	14	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Flavobacteriales;	f__Weeksellaceae;	g_;	s__		
CID_13647	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionicimonas;	s__		
CID_14441	12085	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g_;	s__		
CID_222047	2	k__Bacteria;	p_;	c_;	o_;	f_;	g_;	s__		
CID_524434	28	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o_;	f_;	g_;	s__		
CID_819540	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Nitrobacter;	s__		
CID_312450	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Phyllobacteriaceae;	g__Mesorhizobium;	s__Mesorhizobium	sp.	hue-3
CID_1424724	20	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Novosphingobium;	s__		
CID_819834	79	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardaceae;	g__Pseudonocardia;	s__		
CID_298213	3613	k__Bacteria;	p_;	c_;	o_;	f_;	g_;	s__		
CID_147965	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Delftia;	s__		
CID_464184	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Delftia;	s__		
CID_85586	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Hyphomonadaceae;	g_;	s__		
CID_1306895	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus	
CID_312147	12	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardaceae;	g__Pseudonocardia;	s__		
CID_2157131	9	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Streptosporangiales;	o__Thermomonosporaceae;	f_;	g__Actinocorallia;	s__Actinocorallia	cavemae	
CID_1363321	15	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_332225	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g_;	s__		
CID_2284	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Zetaproteobacteria;	o__Mariprofundales;	f__Mariprofundaceae;	g__Mariprofundus;	s__		
CID_77686	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__Streptococcus	pyogenes	m1
CID_256860	2487	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Caulobacter;	s__Caulobacter	henricii	
CID_464332	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__		
CID_1111130	44	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g_;	s__		
CID_79249	11	k__Bacteria;	p__Acidobacteria;	c__Solibacteres;	o__Solibacterales;	f__Solibacteraceae	(subgroup	3);	g__Bryobacter;	s__Bryobacter
CID_147703	9	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_1545404	2	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o_;	f_;	g_;	s__		
CID_1531850	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_479322	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_25213	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Rhodoferrax;	s__		

CID_465612	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__	
CID_984609	28	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__;	s__	
CID_162725	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Burkholderiaceae;	g__Polynucleobacter;	s__	
CID_278006	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__;	s__	
CID_1054343	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Dongia;	s__	
CID_25850	17	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Thermoleophila;	o__Gaiellales;	f__Gaiellaceae;	g__Gaiella;	s__	
CID_322161	10	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Acidimicrobiia;	o__Acidimicrobiales;	f__;	g__Actinobacter;	s__	
CID_367140	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Acidiphilium;	s__	
CID_1243616	13	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_473318	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Christensenellaceae;	g__Christensenellaceae;	s__	
CID_481937	7	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Oligoflexales;	f__Oligoflexaceae;	g__;	s__	
CID_382515	21	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_22671	12	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__	
CID_25106	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__I-10;	g__;	s__	
CID_265050	9	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacterales;	f__Kd3-93;	g__;	s__	
CID_627330	4	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Micrococcus;	s__	
CID_769725	4	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacterales;	f__Chitinophagaceae;	g__Taibaella;	s__	
CID_332744	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Thermoanaerobacterales;	f__Thermoanaerobacteraceae;	g__Thermacetogenium;	s__	
CID_250782	22	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__	
CID_500903	23	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacterales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__	
CID_5148	3	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Negativicutes;	o__Selenomonadales;	f__Veillonellaceae;	g__;	s__	
CID_89337	39	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__	
CID_264699	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Zymomonas;	s__	
CID_486796	6	k__Bacteria; p__Hydrogenedentes;	c__Hydrogenedentia;	o__Hydrogenedentiales;	f__;	g__;	s__	
CID_92193	263	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__Bradyrhizobium	japonicum
CID_1432977	4	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Streptomyces;	s__Streptomyces	sp. 8346
CID_619827	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__	
CID_22859	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Magnetospirillum;	s__	
CID_829918	11	k__Bacteria; p__Chloroflexi;	c__Anaerolineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__	
CID_27990	27	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micromonosporales;	f__Micromonosporaceae;	g__Phytohabitans;	s__Phytohabitans	suffuscus
CID_15091	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Telmatospirillum;	s__	
CID_350831	20	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Erythrobacteraceae;	g__Altererythroacter;	s__	
CID_4523	105	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__Agromyces;	s__	
CID_95851	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Aquabacterium;	s__	

CID_6548	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Desulfovibrionales;	f__Desulfovibrionaceae;	g__Desulfovibrio;	s__	
CID_309618	6	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__	
CID_145839	14	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__Phycoccus;	s__	
CID_1409857	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Da111;	g__Alpha	proteobacteria;	s__
CID_800457	9	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardaceae;	g__Pseudonocardia;	s__	
CID_4630	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__Paracoccus;	s__	
CID_429432	5	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Bacteroidales;	f__Rikenellaceae;	g__Rikenellaceae	re9	gu; s__
CID_155845	6	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bartonellaceae;	g__Bartonella;	s__	
CID_621342	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__	
CID_697807	2	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__	
CID_92186	3017	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__Bradyrhizobium	japonicum
CID_146573	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Blastochloris;	s__	
CID_1618993	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Aggregatibacter;	s__Aggregatibacter	segnis
CID_559713	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__	
CID_18166	3	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardaceae;	g__Actinophytocola;	s__	
CID_18167	6146	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Arthrospira;	s__Arthrospira	ginsengisoli
CID_986290	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_549687	2	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_13678	7	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Lactococcus;	s__	
CID_973210	5	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_145480	1163	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinomadura;	s__Actinomadura	vinacea
CID_48746	461	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	equorum
CID_129744	7	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__;	s__	
CID_169832	436	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Delftia;	s__	
CID_801093	2	k__Bacteria; p__Acidobacteria;	c__D142;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_1340286	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus
CID_24537	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__;	s__	
CID_626747	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__	
CID_39744	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Inquilinus;	s__	
CID_642279	1158	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__	
CID_39258	526	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	organophilum
CID_110531	17	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__;	s__	
CID_792002	3	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_1656992	16	k__Bacteria; p__Chloroflexi;	c__Thermomicrobia;	o__Jg30-kf-cm45;	f__;	g__;	s__	

CID_792280	3	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_91569	138	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__	
CID_1032502	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__;	s__	
CID_134170	7	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__Nostocales;	f__Phormidiaceae;	g__Arthrospira;	s__Arthrospira	platensis
CID_246728	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__	
CID_246729	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__	
CID_5858	79	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micromonosporales;	f__Micromonosporaceae;	g__Actinoplanes;	s__	
CID_149132	12	k__Bacteria;	p__Epsilonbacteraeota;	c__Campylobacteria;	o__Campylobacterales;	f__Thiovulaceae;	g__Sulfuricurvum;	s__Sulfuricurvum	kujiense
CID_52039	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rickettsiales;	f__Sm2d12;	g__;	s__	
CID_770439	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Thermoleophilia;	o__Solirubrobacterales;	f__Elev-16s-1332;	g__;	s__	
CID_356783	6	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__Agromyces;	s__	
CID_1340628	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Family	xi;	g__;	s__
CID_76547	2524	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	lwoffii
CID_464337	973	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Enhydrobacter;	s__	
CID_1304900	14	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_125954	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Alkanindiges;	s__	
CID_260654	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_442892	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_225258	20	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__;	s__	
CID_4315	6	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_461659	4	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__	
CID_130063	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Enterobacteriales;	f__Enterobacteriaceae;	g__Serratia;	s__Serratia	sp. 5.1r
CID_1698756	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Peptococcaceae;	g__Desulfitobacter;	s__	
CID_93456	14	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_22592	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Ruminococcaceae;	g__Clostridium;	s__	
CID_1027212	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Rhodoplanes;	s__	
CID_1547027	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_31121	30	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Limimonas;	s__	
CID_15882	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Limnhabitans;	s__	
CID_81468	10	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Renibacterium;	s__	
CID_1437082	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Streptosporangiaceae;	g__Sinosporangium;	s__	
CID_478800	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__	
CID_869428	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__	
CID_1072327	6	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes

CID_647205	42	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_1050695	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_972977	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__		
CID_348405	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Rhodocyclaceae;	g__Uliginosibacterium;	s__		
CID_373190	5	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__;	s__		
CID_4538	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Mycobacteriaceae;	g__Mycobacterium;	s__Mycobacterium	sp.	ifo16252
CID_865470	32	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__		
CID_8453	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Dermatophilaceae;	g__Dermatophilus;	s__Dermatophilus	suis	
CID_449201	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Acidiphilium;	s__		
CID_6555	595	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bcf3-20;	g__Rhodoplanes;	s__		
CID_45543	27	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Moraxella;	s__		
CID_1383437	24	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_22935	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__;	s__
CID_1123702	16	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_173711	3	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__		
CID_105714	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__		
CID_105717	34	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_20854	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__Rhizomicrobium;	s__
CID_1040711	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Variibacter;	s__		
CID_262641	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Micropepsales;	f__Micropepsaceae;	g__;	s__		
CID_973194	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__;	s__		
CID_831508	8	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteriia;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__		
CID_726682	24	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_865672	2	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__		
CID_18391	58	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_15798	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Chromatiales;	f__Ectothiorhodospiraceae;	g__Halothodospira;	s__		
CID_18396	67	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Streptosporangiaceae;	g__Nonomurea;	s__		
CID_301447	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_85830	10	k__Bacteria;	p__Planctomycetes;	c__Planctomycetacia;	o__Planctomycetales;	f__Planctomycetaceae;	g__Nostocoida;	s__Nostocoida	limicola	
CID_85831	11	k__Bacteria;	p__Planctomycetes;	c__Planctomycetacia;	o__Planctomycetales;	f__Planctomycetaceae;	g__Nostocoida;	s__Nostocoida	limicola	
CID_754810	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Afipia;	s__		
CID_444307	7	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Camobacteriaceae;	g__Camobacterium;	s__		
CID_865490	105	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Acidimicrobiia;	o__Acidimicrobiales;	f__;	g__;	s__		
CID_817575	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__;	s__		

CID_18189	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__Microbacterium;	s__Microbacterium	barkeri
CID_350589	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Thermoleophilia;	o__Gaiellales;	f__;	g__;	s__	
CID_13249	305	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinomadura;	s__	
CID_1194847	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_298012	22	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_983970	124	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__Sphingomonas	yabuuchiae
CID_2119	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Desulfobacterales;	f__Desulfobulbaceae;	g__Desulfurivibrio;	s__Desulfurivibrio	proteobacterium mlms
CID_145030	21	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	rhodesianum
CID_145031	32	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__	
CID_25905	68	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Thermoleophilia;	o__Gaiellales;	f__;	g__;	s__	
CID_461248	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinoallomurus;	s__	
CID_248515	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Rhodocyclaceae;	g__;	s__	
CID_248517	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__	
CID_168790	108	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__	
CID_356882	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__	
CID_500655	33	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Family	xi;	g__;	s__
CID_500659	2	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Bacteroidales;	f__Porphyromonadaceae;	g__Porphyromonas;	s__	
CID_356888	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Kaistobacter;	s__	
CID_1311059	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Blautia;	s__	
CID_289467	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__	
CID_1135599	13	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__	
CID_297779	15	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_2165939	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Pedomicrobium;	s__Pedomicrobium	australicum
CID_93666	302	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_330830	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__	
CID_4329	20	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Diaphorobacter;	s__Diaphorobacter	rm4
CID_5262	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Planococcaceae;	g__Bacillus;	s__	
CID_16369	6	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Frankiales;	f__Sporichthyaceae;	g__;	s__	
CID_293126	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Inquilinus;	s__	
CID_257494	70	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_971461	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_27757	30	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_4876	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Epsilonproteobacteria;	o__Campylobacterales;	f__Helicobacteraceae;	g__Sulfuricurvum;	s__Sulfuricurvum	kujiense
CID_1161350	14	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Staphylococcus;	s__	

CID_30402	40	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Enterobacteriales;	f__Enterobacteriaceae;	g__Serratia;	s__Serratia	symbiotica	
CID_17089	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Acidimicrobia;	o__Acidimicrobiales;	f__;	g__;	s__		
CID_329816	4	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__P2-11e;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_3815	6	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidetes	incertae	sedis;	o__Order	ii;	f__Rhodothermaceae;	g__;
CID_106872	69	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__Sphingomonas	sp.	mn
CID_550301	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__Roseomonas	proteobacterium	47
CID_1185740	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_93057	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__		
CID_12957	25	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Tyzzerella	3;	s__	
CID_16985	117	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_646638	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_360689	13	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Methylosinus;	s__		
CID_30246	21	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Bartonella;	s__		
CID_807021	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Rubrivivax;	s__		
CID_173897	57	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Anaerolineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__		
CID_173677	2	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacteriales;	f__Phos-he51;	g__Bacteroid;	s__		
CID_6565	15	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Family	xiii;	g__Family	xiii	ucg-002;
CID_291612	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__Acidisphaera;	s__		
CID_295998	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_343197	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Promicromonosporaceae;	g__Cellulosimicrobium;	s__		
CID_2277	174	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Fulvamarina;	s__		
CID_174179	114	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococaceae;	g__Streptococcus;	s__Streptococcus	sp.	oral
CID_83784	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseococcus;	s__		
CID_5587	75	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__Pseudomonas	symbiont	tw-6
CID_738691	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_272323	6	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Coproccoccus;	s__		
CID_106228	10	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcales	incertae	sedis;	g__Cellulosimicrobium;	s__Cellulosimicrobium
CID_14907	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__;	s__		
CID_162986	2	k__Bacteria;	p__Spirochaetae;	c__Spirochaetes;	o__Spirochaetales;	f__Spirochaetaceae;	g__Spirochaeta	2;	s__	
CID_982625	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bradyrhizobium;	s__		
CID_105721	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Acidiphilium;	s__		
CID_96739	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_13879	282	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__Sphingomonas	azotifigens	
CID_256480	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__		

CID_298571	74	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__		
CID_356697	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Paenibacillaceae;	g__;	s__		
CID_1541352	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Caulobacter;	s__		
CID_294800	4	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__		
CID_150923	217	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Gammaproteobacteria	incertae	sedis;	f__;	g__;	s__
CID_50044	538	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Micrococcus;	s__Micrococcus	luteus	
CID_417131	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__		
CID_8585	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__Agaricola;	s__
CID_354226	292	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_370199	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__Corynebacterium	coyleae	
CID_1019412	63	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Cytophagales;	f__Hymenobacteraceae;	g__Hymenobacter;	s__		
CID_6585	6	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Bacteroidales;	f__Rikenellaceae;	g__Bcf9-17	termite	grou;	s__
CID_103369	203	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Chelatococcus;	s__		
CID_415694	41	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	epidermidis	
CID_648869	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__Corynebacterium	aurimucosum	
CID_1239406	4	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	adhaesivum	
CID_96397	67	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_1072780	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_1026937	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_483745	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Rhodopila;	s__		
CID_350442	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardaceae;	g__Actinophytocola;	s__		
CID_9760	156	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__Tetrasphaera;	s__		
CID_258598	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingopyxis;	s__Sphingopyxis	alaskensis	
CID_9767	10	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionicimonas;	s__		
CID_1246523	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_38673	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhodobiaceae;	g__Rhodoligotrophos;	s__		
CID_18961	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Novosphingobium;	s__		
CID_49259	1180	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	bacterium	k2f20
CID_770250	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Hyphomicrobium;	s__		
CID_257678	10	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		
CID_289499	4	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_164806	114	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__Bradyrhizobium	elkanii	
CID_24606	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Alphai	cluster;	g__;	s__	
CID_93728	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		

CID_294734	7	k__Bacteria;	p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__		
CID_4050	58	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococceae;	g__Renibacterium;	s__		
CID_864812	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__Pseudomonas	sp.	ch-11
CID_12093	9	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Roseburia;	s__		
CID_238328	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.	
CID_16429	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Phyllobacteriaceae;	g__Mesorhizobium;	s__		
CID_499058	6	k__Bacteria;	p__Acidobacteria;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_1216180	25	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_768758	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Alteromonadales;	f__Colwelliaceae;	g__Colwellia;	s__		
CID_1054330	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Mycoplana;	s__		
CID_462259	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	mesophilicum	
CID_22556	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Thalassospiraceae;	g__Thalassospira;	s__		
CID_12548	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__;	s__		
CID_119426	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Rhodoplanes;	s__		
CID_1652030	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__Curtobacterium;	s__		
CID_355989	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Steroidobacterales;	f__Steroidobacteraceae;	g__Steroidobacter;	s__		
CID_1304921	4	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococaceae;	g__Streptococcus;	s__		
CID_363702	15	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Christensenellaceae;	g__Christensenellaceae;	s__		
CID_12940	5	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Tyzzerella	3;	s__	
CID_1437394	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococceae;	g__Micrococcus;	s__		
CID_403396	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__		
CID_146161	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_1694195	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__		
CID_3057	24	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__Microbacterium;	s__		
CID_45563	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Ancalomicrobium;	s__		
CID_1283181	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Behapia;	s__		
CID_1048117	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Methylococcales;	f__Methylococceae;	g__Methylocaldum;	s__		
CID_742914	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_40395	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Bacillaceae;	g__Bacillus;	s__Bacillus	cereus	
CID_418754	20	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__;	s__		
CID_1040738	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Xanthomonadales;	f__Xanthomonadaceae;	g__;	s__		
CID_1277222	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Rhodovarius;	s__		
CID_21550	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Bacillaceae;	g__Bacillus;	s__Bacillus	flexus	
CID_91818	17	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		

CID_765465	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_562007	4	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_562008	6	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_7229	16	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteriia;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Chitinophaga;	s__	
CID_1728992	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__Sphingomonas	mucosissima
CID_1215502	5	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	epidemidis
CID_149270	3	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Cyanobacteria;	o__Subsectioniii;	f__Familyi;	g__;	s__	
CID_8992	173	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingobium;	s__	
CID_560745	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bosea;	s__Bosea	genosp.
CID_108841	18	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Acetobacterales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__Roseomonas	rosea
CID_8195	21	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Brucellaceae;	g__Ochrobactrum;	s__	
CID_1102008	28	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	johnsonii
CID_108662	287	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Methylosinus;	s__	
CID_25383	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__;	s__	
CID_1045773	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__	
CID_1285350	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__	
CID_17340	6	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes;	c__Gemmatimonadetes;	o__Gemmatimonadales;	f__Gemmatimonadaceae;	g__;	s__	
CID_1084763	5	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Haemophilus;	s__Haemophilus	parainfluenzae
CID_127591	2	k__Bacteria; p__Chloroflexi;	c__Thermomicrobia;	o__Jg30-kf-cm45;	f__Chloroflexi	bacterium;	g__Chloroflexus;	s__
CID_94392	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Rhodoplanes;	s__Rhodoplanes	elegans
CID_46211	178	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__Roseomonas	aerilata
CID_107897	25	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Dermabacteraceae;	g__Brachybacterium;	s__	
CID_484369	6	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Bacteroidales;	f__Porphyromonadaceae;	g__Porphyromonas;	s__	
CID_347387	5	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Afipia;	s__	
CID_464769	6	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bradyrhizobium;	s__Bradyrhizobium	elkanii
CID_209897	1017	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Cutibacterium;	s__Cutibacterium	acnes subsp.
CID_1651157	9	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__	
CID_42644	5	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Enterobacteriales;	f__Enterobacteriaceae;	g__;	s__	
CID_330819	98	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_523123	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__;	g__;	s__	
CID_1538971	34	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteriia;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__	
CID_16433	6	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__;	s__	
CID_43191	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Legionellales;	f__Coxiellaceae;	g__Aquicella;	s__	
CID_377368	37	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	johnsonii

CID_17127	1014	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseococcus;	s__	
CID_43601	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__;	o__;	f__;	g__Sporanaerobacter;	s__	
CID_12156	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Bradymonadales;	f__Rumen	bacterium;	g__Rumen;	s__
CID_244733	23	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__;	s__	
CID_86144	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Acidocella;	s__	
CID_869526	14	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_297917	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__;	s__	
CID_119431	9	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_119430	22218	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_94652	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Roseiarcaceae;	g__Roseiarcus;	s__Roseiarcus	ellin340
CID_498795	42	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__	
CID_1255258	4	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_268565	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	johnsonii
CID_172700	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Rhodoplanes;	s__	
CID_1291080	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_107705	144	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_1041255	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__;	s__	
CID_1314501	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_15297	9	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Lactococcus;	s__	
CID_29827	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rickettsiales;	f__Rickettsiales	incertae	sedis;	g__Constrictibacter; s__Constrictibacter
CID_350873	50	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_392649	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Kaistobacter;	s__	
CID_45910	113	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Chitinophagales;	f__Chitinophagaceae;	g__Sediminibacterium;	s__	
CID_1428248	28	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus
CID_252694	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_252696	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_18910	30	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__Rhodoplanes;	s__	
CID_1239842	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_621897	3	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__;	s__	
CID_85190	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Micrococcus;	s__	
CID_6348	19	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Rarobacteraceae;	g__Rarobacter;	s__	
CID_21549	254	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Delftia;	s__	
CID_1063811	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_1695499	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__	

CID_80657	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_321679	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	johnsonii	
CID_107071	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__;	s__		
CID_330798	158	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_5491	402	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Streptosporangiaceae;	g__Nonomurea;	s__Nonomurea	roseovioleacea	
CID_453054	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Erythrobacteraceae;	g__Erythrobacter;	s__Erythrobacter	sp.	car-8047
CID_1426892	12	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Melainabacteria;	o__Obscuribacterales;	f__;	g__;	s__		
CID_225616	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__;	s__		
CID_429279	2	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Bacteroidales;	f__Rikenellaceae;	g__Rikenellaceae	rc9	gu;	s__
CID_1953	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__Desulfurivibrio;	s__Desulfurivibrio	alkaliphilus	
CID_14076	26	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Yaniella;	s__		
CID_47516	59	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__Sphingomonas	echinoides	
CID_4856	12	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Epsilonproteobacteria;	o__Campylobacterales;	f__Helicobacteraceae;	g__;	s__		
CID_15709	103	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Alphai	cluster;	g__;	s__	
CID_36186	10	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionimicrobium;	s__		
CID_15700	325	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__Rhizomicrobium;	s__
CID_832526	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_1269013	21	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes	
CID_173851	34	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Caldilineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__		
CID_87059	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__Corynebacterium	sp.	oral
CID_546160	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Mycoplana;	s__		
CID_173859	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__		
CID_3082	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Enterobacteriales;	f__Enterobacteriaceae;	g__Enterobacter;	s__Enterobacter	aerogenes	
CID_224923	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Afipia;	s__		
CID_124325	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__		
CID_1246722	8	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Family	xi;	g__;	s__	
CID_3551	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Microbacteriaceae;	g__Pseudoclavibacter;	s__Pseudoclavibacter	bifida	
CID_91122	2	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_465037	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Afipia;	s__		
CID_470046	149	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__Bradyrhizobium	bacterium	enrichment
CID_1379435	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__		
CID_114820	12	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Streptomyces;	s__Streptomyces	sp.	bt
CID_262545	5	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__;	s__		
CID_9817	7	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Oceanospirillales;	f__Halomonadaceae;	g__Halomonas;	s__		

CID_79056	11	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__;	s__
CID_347390	51	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_1300046	33	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Neisseriales;	f__Neisseriaceae;	g__;	s__		
CID_412222	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	hispanicum	
CID_356832	2	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_110261	13	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_1339217	6	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus	
CID_1464527	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__C2u;	g__;	s__		
CID_3725	8	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Cytophagia;	o__Cytophagales;	f__Flammeovirgaceae;	g__;	s__		
CID_342706	9	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Leuconostocaceae;	g__Leuconostoc;	s__		
CID_1696136	2	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Bacteroidales;	f__Rs-e47	termite	group;	g__;	s__
CID_29164	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Erysipelotrichia;	o__Erysipelotrichales;	f__Erysipelotrichaceae;	g__P-75-a5;	s__		
CID_550348	2642	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Caulobacter;	s__		
CID_248862	5	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Paenibacillaceae;	g__;	s__		
CID_463607	10	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__		
CID_1345924	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus	
CID_126630	9	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinomadura;	s__Actinomadura	vinacea	
CID_402644	179	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__		
CID_8465	188	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__Sphingomonas	wittichii	
CID_12384	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_266687	13	k__Bacteria;	p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_30323	44	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Intrasporangiaceae;	g__Arsenicococcus;	s__Arsenicococcus	piscis	
CID_85422	1229	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__		
CID_297923	23	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__;	s__		
CID_1101344	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_238768	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	intermedius	ntc
CID_246115	9	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Streptomyces;	s__		
CID_979075	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Thermoanaerobacteriales;	f__Thermoanaerobacteraceae;	g__Gelria;	s__		
CID_393933	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__;	s__		
CID_250647	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Acidovorax;	s__		
CID_712958	2	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_297721	2	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__P2-11e;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_23577	5	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__;	s__		
CID_40084	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__Oceanicella;	s__		

CID_40086	1235	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__	
CID_252737	10	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Micrococcus;	s__Micrococcus	luteus
CID_1299962	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Granulicatella;	s__	
CID_1027749	2	k__Bacteria;	p__Chloroflexi;	c__Caldilineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__	
CID_15063	4	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Thermoanaerobacteriales;	f__Thermoanaerobacteraceae;	g__Gelria;	s__	
CID_15067	13	k__Bacteria;	p__Tenericutes;	c__Mollicutes;	o__Haloplasmales;	f__Haloplasmales;	g__Haloplasma;	s__	
CID_2133985	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Caulobacter;	s__	
CID_1225424	2	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_463102	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Xanthomonadales;	f__Xanthomonadaceae;	g__Senotrophomonas;	s__	
CID_543589	7	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Clostridiaceae;	l;	g__Sarcina;	s__
CID_3166	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Oxalobacteraceae;	g__;	s__	
CID_5717	53	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Streptomyces;	s__	
CID_1129799	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaeae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_243227	88	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaeae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_501802	10	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__Pseudomonas	putida
CID_151040	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__;	s__	
CID_41111	6	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionicimonas;	s__	
CID_449159	8	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_295278	11	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	granulosum
CID_48674	568	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	komagatae
CID_76878	47	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Pasteurella;	s__	
CID_298546	16	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__	
CID_652837	132	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__	
CID_82515	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Enterobacteriales;	f__Enterobacteriaceae;	g__Erwinia;	s__	
CID_15719	167	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__;	s__	
CID_250801	60	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_15716	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Myxococcales;	f__Archangiaceae;	g__Anaeromyxobacter;	s__	
CID_1538892	10	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__	
CID_1127373	11	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_350095	4	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__;	s__	
CID_814097	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	johnsonii
CID_1206909	12	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	guillouiae
CID_359249	6	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__	
CID_363739	9	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Methylococcales;	f__Methylococcaeae;	g__;	s__	

CID_1615771	19	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__		
CID_162907	10	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	johnsonii	
CID_8770	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Xanthobacter;	s__		
CID_225406	40	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_533249	20	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Enterobacteriales;	f__Enterobacteriaceae;	g__Yersinia;	s__		
CID_1251538	108	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_350326	8	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Thermoleophila;	o__Solirubrobacterales;	f__Elev-16s-1332;	g__;	s__		
CID_21066	4	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__Pseudomonas	umsongensis	
CID_126326	36824	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Caulobacter;	s__		
CID_1203505	26	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__		
CID_452578	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_649521	181	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__		
CID_28379	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__Shuttleworthia;	s__		
CID_12296	59	k__Bacteria;	p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__		
CID_8559	7	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Acidimicrobia;	o__Acidimicrobiales;	f__Oml	clade;	g__;	s__	
CID_238572	52	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__Streptococcus	gordonii	
CID_42593	4	k__Bacteria;	p__Spirochaetae;	c__Spirochaetes;	o__Spirochaetales;	f__Brevinemataceae;	g__Brevinema;	s__		
CID_114290	2	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__Pseudomonas	migulae	
CID_35345	6	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Ruminococcaceae;	g__Ruminococcaceae	ucg;	s__Ruminococcaceae ucg	
CID_1617616	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__		
CID_160692	2	k__Bacteria;	p__Epsilonbacteraeota;	c__Campylobacteria;	o__Campylobacterales;	f__Helicobacteraceae;	g__Flexispira;	s__		
CID_289512	11	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_1340050	44	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococcaceae;	g__Micrococcus;	s__Micrococcus	luteus	
CID_25630	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Deltaproteobacteria;	o__Myxococcales;	f__P3ob-42;	g__;	s__		
CID_158936	22	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Nitrobacter;	s__		
CID_158422	131	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__		
CID_7890	11	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Clostridiales;	f__Lachnospiraceae;	g__;	s__		
CID_24900	19	k__Bacteria;	p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardaceae;	g__Actinokineospora;	s__Actinokineospora	diospyrosa	
CID_770513	528	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Gammaproteobacteria	incertae	sedis;	f__;	g__;	s__
CID_21116	2	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Clostridia;	o__Thermoanaerobacterales;	f__Thermoanaerobacteraceae;	g__Thermacetogenium;	s__		
CID_1346660	3	k__Bacteria;	p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	epidermidis	
CID_155289	2	k__Bacteria;	p__Bacteroidetes;	c__Flavobacteriia;	o__Flavobacteriales;	f__Flavobacteriaceae;	g__Capnocytophaga;	s__Capnocytophaga	sp. oral	
CID_151672	5	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Alkanindiges;	s__		
CID_437838	3	k__Bacteria;	p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Pseudomonadaceae;	g__Pseudomonas;	s__		

CID_1299884	3	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_302886	5	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Legionellales;	f__Coxiellaceae;	g__Coxiella;	s__	
CID_1546569	42	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiaceae;	g__Agrobacterium;	s__	
CID_1610593	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__	
CID_103997	125	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Brevundimonas;	s__Brevundimonas	poindexterae
CID_1101978	25	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	johnsonii
CID_652117	3	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_48241	63	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Arthrobacter;	s__	
CID_509006	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__Acinetobacter	lwoffii
CID_2711	8	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Rhodospirillaceae;	g__Novispirillum;	s__	
CID_224349	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__;	g__;	s__	
CID_292380	188	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__;	s__	
CID_661818	8	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingomonas;	s__	
CID_238542	18	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__Corynebacterium	cystitidis
CID_1618139	3	k__Bacteria; p__Fusobacteria;	c__Fusobacteriia;	o__Fusobacteriales;	f__Leptotrichiaceae;	g__Leptotrichia;	s__	
CID_252654	7	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_525866	3	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardiaceae;	g__Pseudonocardia;	s__Pseudonocardia	halophobica
CID_208551	2538	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus subsp.
CID_552862	1071	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Acetobacteraceae;	g__Roseomonas;	s__	
CID_972381	9	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Cytophagales;	f__Hymenobacteraceae;	g__Hymenobacter;	s__	
CID_784057	16	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_555012	573	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Enhydrobacter;	s__	
CID_20583	331	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Beijerinckiaceae;	g__;	s__	
CID_3398	182	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Micrococcales;	f__Micrococaceae;	g__;	s__	
CID_765439	32	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_298533	11	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__	
CID_299006	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__;	s__	
CID_120005	9	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__	
CID_154409	2	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Melainabacteria;	o__Obscuribacterales;	f__;	g__;	s__	
CID_96606	23	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_981086	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__Rhodobacter;	s__	
CID_1392631	4	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_467925	3	k__Bacteria; p__Tm6	(dependentiae);	c__;	o__;	f__;	g__;	s__
CID_1377210	2	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Nocardiaceae;	g__Gordonia;	s__	

CID_2158478	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Bradyrhizobiaceae;	g__Afipia;	s__Afipia	felis
CID_92585	8	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__;	s__	
CID_294732	63	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Rhodoplanes;	s__	
CID_14523	6	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Sphingomonadales;	f__Sphingomonadaceae;	g__Sphingosinicella;	s__Sphingosinicella	microcystinivorans
CID_7380	370	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhizobiales	incertae	sedis;	g__Rhizomicrobium; s__
CID_80451	3	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Pseudonocardiales;	o__Pseudonocardiaceae;	f__;	g__Pseudonocardia;	s__	
CID_111944	8	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodobacterales;	f__Rhodobacteraceae;	g__Labrenzia;	s__	
CID_3413	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Enterobacteriales;	f__Enterobacteriaceae;	g__Serratia;	s__Serratia	proteobacterium 1101
CID_751747	15	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_350240	2	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Acidimicrobiia;	o__Acidimicrobiales;	f__;	g__;	s__	
CID_1412402	60	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Pseudonocardiales;	f__Pseudonocardiaceae;	g__Pseudonocardia;	s__	
CID_665377	2	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_461508	11	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Thermomonosporaceae;	g__Actinomadura;	s__	
CID_246782	2	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Bacteroidia;	o__Cytophagales;	f__Hymenobacteraceae;	g__Hymenobacter;	s__	
CID_160534	11	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Acidithiobacillales;	f__Acidithiobacillaceae;	g__Acidithiobacillus;	s__Acidithiobacillus	albertensis
CID_107744	11	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptosporangiales;	f__Streptosporangiaceae;	g__Nonomuraea;	s__Nonomuraea	recticata
CID_119955	9	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pseudomonadales;	f__Moraxellaceae;	g__Acinetobacter;	s__	
CID_1308157	3	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__Staphylococcus	aureus
CID_24893	2	k__Bacteria; p__Planctomycetes;	c__Planctomycetacia;	o__Planctomycetales;	f__Planctomycetaceae;	g__;	s__	
CID_113835	2330	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_1409829	21	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Xanthobacteraceae;	g__Bradyrhizobium;	s__	
CID_249216	5	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Methylobacteriaceae;	g__Methylobacterium;	s__Methylobacterium	sp. zf-ivrht8
CID_1245554	3	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_85406	2	k__Bacteria; p__Chlorobi;	c__Chlorobia;	o__Chlorobiales;	f__Opb56;	g__;	s__	
CID_404828	37	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Betaproteobacteriales;	f__Burkholderiaceae;	g__Delftia;	s__	
CID_478285	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Hyphomicrobiaceae;	g__;	s__	
CID_22771	2	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Vibrionales;	f__Vibrionaceae;	g__Photobacterium;	s__	
CID_1394317	9	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Betaproteobacteria;	o__Burkholderiales;	f__Comamonadaceae;	g__Ramlibacter;	s__	
CID_523206	3	k__Bacteria; p__Spirochaetae;	c__Spirochaetes;	o__Spirochaetales;	f__Spirochaetaceae;	g__Spirochaeta	2;	s__
CID_26094	5	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Paenibacillaceae;	g__Paenibacillus;	s__	
CID_105350	50	k__Bacteria; p__Cyanobacteria;	c__Oxyphotobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_1330234	16	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__	
CID_12297	15	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_12295	10	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Kf-jg30-b3;	g__;	s__	

CID_2891	51	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Lactobacillales;	f__Streptococcaceae;	g__Streptococcus;	s__Streptococcus	luteciae
CID_1134690	2	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Propionibacteriaceae;	g__Propionibacterium;	s__Propionibacterium	acnes
CID_652637	4	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_252089	23	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Propionibacteriales;	f__Nocardioideaceae;	g__Nocardioides;	s__	
CID_149776	45	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Caulobacterales;	f__Caulobacteraceae;	g__Phenyllobacterium;	s__	
CID_12908	8	k__Bacteria; p__Spirochaetae;	c__Spirochaetes;	o__Spirochaetales;	f__Leptospiraceae;	g__Sja-88;	s__	
CID_10721	2	k__Bacteria; p__Bacteroidetes;	c__Sphingobacteria;	o__Sphingobacteriales;	f__Chitinophagaceae;	g__;	s__	
CID_10723	3	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhodospirillales;	f__Da111;	g__;	s__	
CID_82991	4	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Alphaproteobacteria;	o__Rhizobiales;	f__Rhodobiaceae;	g__Parvibaculum;	s__	
CID_780188	9	k__Bacteria; p__Cloacimonetes;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_1027989	2	k__Bacteria; p__Chloroflexi;	c__Caldilineae;	o__Caldilineales;	f__Caldilineaceae;	g__;	s__	
CID_30909	2	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Bacillaceae;	g__Bacillus;	s__Bacillus	firmus
CID_40194	14	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Frankiales;	f__Sporichthyaceae;	g__;	s__	
CID_225773	2	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	
CID_780118	3	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Corynebacteriales;	f__Corynebacteriaceae;	g__Corynebacterium;	s__Corynebacterium	lubricantis
CID_4048	10	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Planococcaceae;	g__;	s__	
CID_989168	10	k__Bacteria; p__Firmicutes;	c__Bacilli;	o__Bacillales;	f__Staphylococcaceae;	g__Staphylococcus;	s__	
CID_4483	15	k__Bacteria; p__Actinobacteria;	c__Actinobacteria;	o__Streptomycetales;	f__Streptomycetaceae;	g__Kitasatospora;	s__	
CID_1093989	34	k__Bacteria; p__Proteobacteria;	c__Gammaproteobacteria;	o__Pasteurellales;	f__Pasteurellaceae;	g__Aggregatibacter;	s__	
CID_1546607	19	k__Bacteria; p__;	c__;	o__;	f__;	g__;	s__	