



MAURO GUILHERME BARROS CARDOSO

**MICROBIOTA BACTERIANA E COMPOSTOS VOLÁTEIS
DE QUEIJO MINAS ARTESANAL DA REGIÃO DA SERRA
DA CANASTRA**

**LAVRAS – MG
2022**

MAURO GUILHERME BARROS CARDOSO

**MICROBIOTA BACTERIANA E COMPOSTOS VOLÁTEIS DE QUEIJO MINAS
ARTESANAL DA REGIÃO DA SERRA DA CANASTRA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Microbiologia Agrícola, área de concentração Microbiologia Agrícola, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador
Prof. Dr. Luís Roberto Batista

**LAVRAS – MG
2022**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Cardoso, Mauro Guilherme Barros.

Microbiota bacteriana e compostos voláteis de queijo minas artesanal
da região da Serra da Canastra / Mauro Guilherme Barros Cardoso. - 2022.

150 p. : il.

Orientador(a): Luis Roberto Batista.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2022.

Bibliografia.

1. Microbiota. 2. Compostos Voláteis. 3. Queijos Minas Artesanal. I.
Batista, Luis Roberto. II. Título.

MAURO GUILHERME BARROS CARDOSO

**MICROBIOTA BACTERIANA E COMPOSTOS VOLÁTEIS DE QUEIJO MINAS
ARTESANAL DA REGIÃO DA SERRA DA CANASTRA
BACTERIAL MICROBIOTA AND VOLATILE COMPOUNDS OF MINAS
ARTISANAL CHEESE FROM THE REGION OF SERRA DA CANASTRA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Microbiologia Agrícola, área de concentração Microbiologia Agrícola, para a obtenção do título de Doutor.

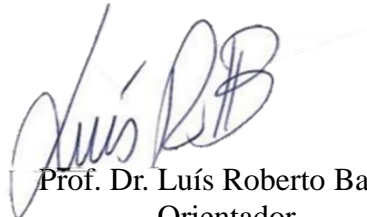
APROVADA em 29 de junho de 2022

Dr. Cleube Andrade Boari UFVJM

Dr. Fernando Augusto de Lima Marson USF

Dr. Luiz Ronaldo de Abreu UFLA

Dra. Patrícia Nirlane da Costa Souza UFVJM



Prof. Dr. Luís Roberto Batista
Orientador

**LAVRAS – MG
2022**

*À minha mãe Neusa por sempre acreditar no meu potencial,
por seu amor infinito e ser meu maior exemplo de vida.*

*As minhas irmãs Taciane e Bibiana por sempre
estarem ao meu lado em todos os momentos.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Deus por me permitir correr atrás dos meus sonhos e objetivos.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola pela oportunidade concedida para a realização deste trabalho.

Ao professor Luís Roberto Batista por acreditar no meu trabalho e por toda a orientação.

Aos produtores de Queijo Minas Artesanal da Serra da Canastra pelo fornecimento das amostras pela receptividade, confiança e pelos ensinamentos que não estão nos livros.

Aos amigos que fiz ao longo desses anos de doutorado, em especial Juliete, Natalia, Renan, Luciano, Miriam, Talissa, João, Fabiana e Nathasha. Com ajuda, a amizade de vocês e boas xícaras de café tudo ficou mais fácil.

A todos os meus amigos, pela amizade, incentivo, apoio e momentos compartilhados. Vocês são fundamentais em minha vida!

Agradeço especialmente ao Marcos, a minha mãe Neusa e as minhas irmãs Taciane e Bibiana, pelos conselhos, incentivo e apoio nas minhas escolhas em todos os momentos.

Aos meus sobrinhos Beatriz, Miguel e Enzo que são os amores da minha vida.

A todas as pessoas que acreditaram em mim e contribuíram de alguma forma para que esse trabalho fosse concluído.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001. Os autores também agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico Tecnológico (CNPq), à Fundação de Financiamento da Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG), à Financiadora de Estudos e Projetos (FINEP) e à Universidade Federal de Lavras pelo apoio estrutural e financeiro.

MUITO OBRIGADO!

RESUMO

Bactérias, leveduras e fungos filamentosos compõem a microbiota do queijo, interferindo no flavor do produto final. O emprego de abordagens independentes de cultivo pode contribuir para o estudo das comunidades microbianas possibilitando o acesso a vasta diversidade de microrganismos cultiváveis e aqueles que não são cultiváveis em meios tradicionalmente empregados. Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi de avaliar a comunidade bacteriana de queijo Minas Artesanal maturado produzido em três propriedades diferentes (SC1, SC2, SC3) na região da Canastra através da metagenômica *shotgun*, bem como correlacionar os microrganismos identificados aos perfis de compostos voláteis analisados através de CG-EM. A metagenômica *shotgun* identificou 84.637, 47.614 e 60.037 sequências para as amostras SC1, SC2 e SC3, respectivamente. Os filos *Actinobacteria* e *Firmicutes* foram os mais abundantes em todas as amostras com exceção da amostra SC1-R2 onde o filo *Proteobacteria* prevaleceu. O perfil de COVs detectaram 65 compostos diferentes, associando 37 compostos a amostra SC1, 45 à amostra SC2 e 41 à amostra SC3, conferindo aos queijos diversos aromas e sabores. A amostra SC1-R2 apresentou contaminação por bactérias patogênicas inferindo que este queijo é impróprio para o consumo. O estudo mostra uma diversidade da ecologia bacteriana encontrada nos queijos, alterando sua comunidade de uma fazenda para a outra. Em geral foram encontrados gêneros de bactérias benéficas a saúde do consumidor, com exceção da amostra SC1-R2 que apresentou um excesso de bactérias patogênicas. A maturação do queijo permite o crescimento bacteriano nos queijos, o qual ocorre reações químicas que contribuem para o sabor e aroma do produto final.

Palavras-chave: Metagenômica Shotgun, Bactérias, Queijo Maturado, CG-EM, Flavor.

ABSTRACT

Bacteria, yeasts and filamentous fungi make up the microbiota of the cheese, interfering with the flavor of the final product. The use of culture-independent approaches can contribute to the study of microbial communities, enabling access to a vast diversity of cultivable microorganisms and those that are not cultivable in traditionally used media. In this sense, the objective of this study was to evaluate the bacterial community of Minas Artesanal aged cheese produced in three different properties (SC1, SC2, SC3) in the region of Canastra through shotgun metagenomics, as well as to correlate the microorganisms identified with the profiles of volatile compounds analyzed by GC-MS. Shotgun metagenomics identified 84,637, 47,614 and 60,037 sequences for samples SC1, SC2 and SC3, respectively. The phyla Actinobacteria and Firmicutes were the most abundant in all samples, with the exception of the SC1-R2 sample where the phylum Proteobacteria prevailed. The VOCs profile detected 65 different compounds, associating 37 compounds to the SC1 sample, 45 to the SC2 sample and 41 to the SC3 sample, giving the cheeses different aromas and flavors. The SC1-R2 sample showed contamination by pathogenic bacteria, inferring that this cheese is unsuitable for consumption. The study shows a diversity of bacterial ecology found in cheeses, changing their community from one farm to the next. In general, genera of bacteria beneficial to consumer health were found, with the exception of the SC1-R2 sample, which showed an excess of pathogenic bacteria. The maturation of cheese allows bacterial growth in the cheeses, which chemical reactions take place that contribute to the flavor and aroma of the final product.

Keywords: Metagenomics Shotgun, Bacteria, Aged Cheese, GC-MS, Flavor

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Mapa das regiões produtoras de queijo artesanal em Minas Gerais.....	17
Figura 2 – Mapa da microrregião de produtores do queijo Minas artesanal na Canastra-MG.....	18
Figura 3 - Fluxograma da produção do queijo Minas artesanal da Canastra, adaptado de IPHAN (2014).....	20
Figura 4 - Principais produtos resultantes das transformações bioquímicas durante o processo de maturação em Queijo Minas Artesanal.....	24

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Relação amostras e <i>barcodes</i> Illumina.....	31
Tabela 2 – Relação de filos encontrados nas amostras de QMA da Serra da Canastra, utilizando a metagenômica shotgun como forma de identificação.....	33
Tabela 3 - Porcentagem da área relativa do pico dos ácidos identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.....	40
Tabela 4 - Porcentagem da área relativa do pico dos álcoois identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.....	41
Tabela 5 - Porcentagem da área relativa do pico dos aldeídos identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.....	42
Tabela 6 - Porcentagem da área relativa do pico das cetonas identificadas nas amostras SC1, SC2 e SC3.....	43
Tabela 7 - Porcentagem da área relativa do pico dos ésteres identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.....	44
Tabela 8 - Porcentagem da área relativa do pico de COVs diversos identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.....	46
Tabela 9 - Sabor e aroma associado aos COVs identificados e a possível microbiota produtora.....	48

LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1 – Abundância relativa de gêneros pertencentes ao filo Actinobacteria observados nas amostras SC1-R1, SC1-R2, SC2-R1, SC2-R2, SC3-R1 e SC3-R2, utilizando a metagenômica shotgun.....	34
Gráfico 2 – Abundância relativa de gêneros pertencentes ao filo Firmicutes observados nas amostras SC1-R1, SC1-R2, SC2-R1, SC2-R2, SC3-R1 e SC3-R2, utilizando a metagenômica shotgun.....	36
Gráfico 3 – Abundância relativa de gêneros pertencentes ao filo Proteobacteria observados nas amostras SC1-R1, SC1-R2, SC2-R1, SC2-R2, SC3-R1 e SC3-R2, utilizando a metagenômica shotgun.....	38

LISTA DE ABREVIACÕES

BAL - Bactérias do ácido láctico
BPI - Biotecnologia Pesquisa e Inovação
CAPQ - Centro de Análises e Prospecções Químicas
CLA - Ácido linoleico conjugado
CNPq - Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico
COVs - compostos orgânicos voláteis
DNA - Ácido desoxirribonucleico
DOP - Denominação de Origem Protegida
EMATER - Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Estado de Minas Gerais
FAPEMIG - Fundação de Financiamento da Pesquisa de Minas Gerais
FINEP - Financiadora de Estudos e Projetos
CG-EM – Cromatografia Gasosa- Espectrometria de Massa
GRAS - Generally Recognized As Safe
IG - Indicação Geográfica
IMA - Instituto Mineiro de Agropecuária
INPI - Instituto Nacional de Proteção Intelectual
IPHAN - Instituto do Patrimônio Histórico e Artístico Nacional
MAPA - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
MEFS - Método de microextração de fase sólida
min - Minutos
mL – Mililitro
mm – Milímetro
NCBI - National Center for Biotechnology Information
NGS - Next-Generation Sequencing
NIST - National Institute of Standards and Technology
nM - Nanomolar
pb – Pares de base
PCR - Polymerase Chain Reaction
pH - Potencial hidrogeniônico
PHAs - polihidroxialcanoatos
QMA - Queijo Minas Artesanal
rRNA - Ácido ribonucleico ribossômico

TCA - Ácido tricloroacético

μm – Micrometro

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	15
2 REFERÊNCIAL TEÓRICO.....	16
2.1 Queijo Minas artesanal produzidos na região da serra da Canastra	16
2.2 “Pingo”- Fermento natural	20
2.3 Microbiota terroir de queijos Minas artesanal.....	21
2.4 Características sensoriais de queijos maturados.....	23
2.4.1 Lipólise.....	24
2.4.2 Proteólise.....	25
2.4.3 Glicólise	26
2.5 Métodos de identificação de microrganismos	27
2.6 Metagenômica: um método independente de cultivo.....	27
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1 Amostragem	29
3.2 Análise Metagenômica.....	29
3.2.1 Preparação das amostras.....	29
3.2.2 Extração do material genético	30
3.2.3 Fragmentação do DNA e adição de sequências adaptadoras	30
3.2.4 Amplificação do DNA	30
3.2.5 Purificação e quantificação da biblioteca.....	31
3.2.6 Bioinformática.....	31
3.3 Detecção de compostos orgânicos voláteis (COVs) por CG-EM	31
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4.1 Metagenômica shotgun: identificação de bactérias associados ao queijo maturado da Serra Canastra.....	32
4.2 Identificação de COVs	40
4.3 Perfil dos COVs produzidos por bactérias em queijos maturados.	46
5 CONCLUSÃO.....	51
DECLARAÇÃO DE CONFLITOS DE INTERESSES.....	52
REFERÊNCIAS	53

ANEXO 1	61
---------------	----

1 INTRODUÇÃO

O consumo crescente de produtos lácteos fabricados artesanalmente tem levado os pesquisadores a estarem cada vez mais preocupados com a qualidade e segurança alimentar devido à presença de uma grande diversidade de microrganismos. Nesse contexto, o Queijo Minas artesanal (QMA) tem chamado bastante atenção no que se diz respeito a sua microbiota isolada até o momento. Bactérias, leveduras e fungos filamentosos compõem a microbiota do queijo, moldando as características do produto final. Os queijos artesanais são caracterizados por apresentarem alto valor nutritivo, qualidades sensoriais apreciadas e facilidade de harmonizar com diversos outros produtos. Além disso os queijos artesanais, têm sido recomendados por médicos e nutricionistas para compor a dieta alimentar de pacientes, especialmente aqueles acometidos por obesidade. De modo geral, os queijos são alimentos ricos em proteínas de alto valor nutritivo, cálcio, fósforo, zinco, iodo, selênio, vitaminas e oligoelementos.

Particularmente, no Estado de Minas Gerais, os pequenos produtores de leite veem-se ligados à produção de queijos Minas Frescal, Minas Padrão e o Minas Artesanal, sendo o último, produzido em pequenas propriedades rurais. O QMA da Serra de Canastra só é produzido nesta região, onde se combinam, de maneira única, solo, pastagem, clima, altitude e água. O QMA é fabricado com leite cru, ao qual é adicionado a cultura starter, uma porção de soro de leite fermentado originado do dessoramento de queijos produzidos no dia anterior, sendo este um tipo de cultura iniciadora e um dos responsáveis por auxiliar nas características sensoriais peculiares do QMA desta região.

Entretanto, o fato da produção do QMA ser desprovida de mecanização, seguindo padrões históricos de elaboração e, geralmente, sem controle microbiológico durante a fabricação, pode implicar em variações na qualidade físico-química desses produtos. Para compreender estas variações, faz-se necessário conhecer a origem e função das enzimas que estão envolvidas como principais agentes responsáveis por tais mudanças durante a maturação dos queijos. O entendimento desse processo é de grande importância para obtenção das propriedades características de cada tipo de queijo maturado.

O perfil microbiológico do QMA ainda foi pouco estudado no que se refere a microbiota presente após a maturação do queijo, sendo de interesse de todos os envolvidos na cadeia de produção conhecer os efeitos de tais microrganismos durante esse processo. As

bactérias, principalmente as produtoras de ácido láctico, produzem grande número de enzimas que transformam os nutrientes fundamentais do leite e do queijo em compostos com propriedades sensoriais desejáveis. Elas utilizam, preferencialmente, a lactose como fonte de carbono, tendo como produtos de seu metabolismo substâncias como: ácidos orgânicos, peróxido de hidrogênio, dióxido de carbono, diacetil, acetaldeído e bacteriocinas, que atuam favoravelmente no produto alimentício onde são encontradas, fazendo parte dos microrganismos capazes de exercer efeitos benéficos ao consumidor. São denominados microrganismos probióticos, apresentando um amplo espectro de ação contra microrganismos patogênicos e deteriorantes.

O conhecimento sobre a microbiota presente no QMA possibilitaria melhorias em todas as etapas de fabricação visando a melhora da qualidade do produto, a segurança microbiológica e, conseqüentemente, dando maior confiabilidade para os queijos, ampliando seu comércio. Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi avaliar a microbiota bacteriana presente no Queijo Minas Artesanal produzido em três diferentes propriedades na região da Canastra, assim como os compostos voláteis produzidos, dessa maneira colaborando com os produtores da região, identificando microrganismos benéficos a saúde do consumidor e a detecção de possíveis patógenos para que os mesmo possam ser eliminados durante o processo de produção e maturação dos queijos, obtendo um produto de maior confiabilidade e aceitação pelos consumidores.

2 REFERÊNCIAL TEÓRICO

2.1 Queijo Minas artesanal produzidos na região da serra da Canastra

Segundo o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) entende-se por queijo : “o produto lácteo fresco ou maturado que se obtém por meio da separação parcial do soro em relação ao leite ou ao leite reconstituído – integral, parcial ou totalmente desnatado – ou de soros lácteos, coagulados pela ação do coalho, de enzimas específicas, produzidas por microrganismos específicos, de ácidos orgânicos, isolados ou combinados, todos de qualidade apta para uso alimentar, com ou sem adição de substâncias alimentícias, de especiarias, de condimentos ou de aditivos. O queijo fresco é aquele que está pronto para o consumo logo após a sua fabricação e o queijo maturado é o que ao longo de um tempo armazenado sofreu as trocas bioquímicas e físicas, fazendo com que este produto adquira

atributos únicos de sua região e características sensoriais desejáveis aos consumidores (PERIN et al., 2017).

O Brasil é um grande produtor de queijos artesanais, cujo processo de fabricação tem sido passado por várias gerações, agregando uma imensa bagagem cultural. Sua comercialização é uma importante fonte de renda para a subsistência de algumas famílias das regiões produtoras (COSTA JÚNIOR et al., 2014).

O Estado de Minas Gerais se destaca no cenário nacional e internacional por sua relevante e histórica produção de queijos artesanais produzidos a partir do leite cru. Observa-se um número significativo de produtores cadastrados no Instituto Mineiro de Agropecuária (IMA), totalizando 177 produtores até o começo do ano de 2022. Atualmente, O Queijo Minas Artesanal é produzido em sete microrregiões do estado (Canastra, Serro, Serra do Salitre, Campo das Vertentes, Araxá, Triângulo Mineiro e Cerrado) conforme ilustrado na Figura 1, perfazendo 74 municípios (IMA, 2022). Compondo uma dessas microrregiões do estado de Minas Gerais, a Canastra é de grande importância econômica e sociocultural, produzindo milhares de toneladas de queijos por ano e gerando inúmeros empregos diretamente (BORELLI et al., 2006). De acordo com a EMATER (Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Estado de Minas Gerais) a microrregião da Canastra (Figura 2), é composta por 7 municípios, a saber: Bambuí, Delfinópolis, Medeiros, Piumhi, São Roque de Minas, Tapiraí e Vargem Bonita.

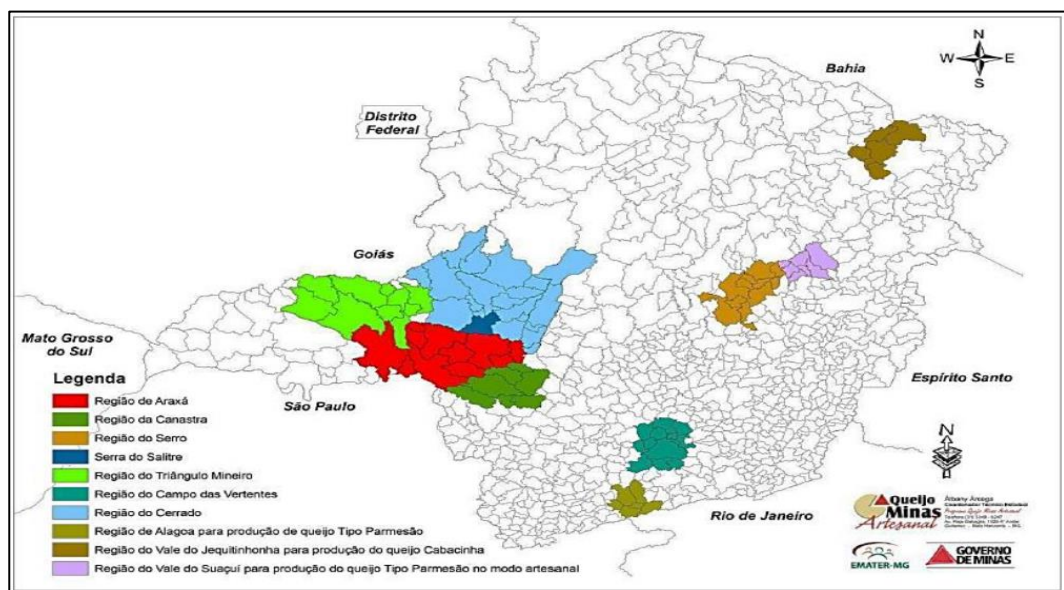


Figura 1 – Mapa das regiões produtoras de queijo artesanal em Minas Gerais (Fonte: EMATER, 2019)



Figura 2 – Mapa da microrregião de produtores do queijo Minas artesanal na Canastra-MG. (Fonte: EMATER, 2019)

Por ser produzido a partir do leite cru, ou seja, uma matéria-prima que não passa por nenhum processo de tratamento, como por exemplo, a pasteurização, o queijo Minas artesanal pode se tornar veículo para a disseminação de microrganismos prejudiciais à saúde do consumidor. Sendo assim, para que seja feito o cadastro dos produtores no IMA é necessário que os mesmos atendam algumas exigências quanto à produção, instalações, boas práticas de produção, controle sanitário dos animais e de seus colaboradores. Este tipo de cadastro atesta que o produto seja íntegro, de boa qualidade e produzido em consonância com as legislações vigentes, de forma a produzir queijos com padrões microbiológicos e físico-químicos seguros (INSTITUTO MINEIRO DE AGROPECUÁRIA, 2022). Além disso, os produtos artesanais tiveram um grande avanço no ano de 2019 com a criação da Lei Nº 13.860, de 18 de março, que assegura que aquele produto que obtenha o “selo arte” foi feito de maneira artesanal e seguindo todas as exigências sanitárias dispostas no decreto, dando maior confiabilidade ao produto. Ao todo, 91 produtores encontravam-se cadastrados no sistema até a metade do ano de 2022 (MAPA, 2022).

O queijo Minas artesanal da Canastra é produzido há mais de dois séculos de maneira bem simples e tradicional, em queijarias edificadas e adaptadas ao clima da região nas propriedades rurais (BORELLI et al., 2006). Em 2012 recebeu a certificação de Indicação

Geográfica (IG) do Instituto Nacional de Proteção Intelectual (INPI), além disso, em 2008 foi conferido o título de Patrimônio Cultural do Brasil pelo Instituto do Patrimônio Histórico e Artístico Nacional (IPHAN), aumentando ainda mais a tradição cultural do modo de produzir os queijos, agregando maior valor e garantindo a procedência e qualidade deste produto (IPHAN, 2008).

O queijo artesanal da Canastra é fabricado a partir do leite cru juntamente com a inoculação do fermento e adição de coalho, em no máximo 90 minutos após a ordenha (MINAS GERAIS, 2002). Após as caseínas terem sido coaguladas, é realizado o corte da massa, agitação, enformagem e prensagem manual. Eles são virados algumas vezes nas formas e então ocorre a salga em sua superfície. Após estabilização, que leva em média três dias, são desenformados, lavados, lixados pelo processo conhecido como “rala” para a remoção de imperfeições no seu formato e então são encaminhados para a sala de maturação (MARTINS, et al., 2015), como demonstrado na Figura 3.

A maturação então é feita seguindo às exigências legais, para auxiliar na manutenção da qualidade microbiológica e físico-química do produto final. Ao longo da maturação ocorrem diversas reações tanto químicas, físicas e bioquímicas, como também alterações microbiológicas que são responsáveis por desenvolver características sensoriais desejáveis e essa parte é considerada de grande importância para processo de fabricação, pois agrega melhoria nas características do produto final (PERIN et al., 2017; PENLAND et al., 2021). Na etapa de maturação os queijos são virados diariamente. Esse tipo de produto apresenta características sensoriais influenciadas pelo local de produção e maturação. Isto se deve às variações edafoclimáticas (clima e solo) locais, da microbiota endógena e da composição das propriedades do leite cru. Assim, o Queijo Minas artesanal da Canastra se difere dos queijos produzidos em outras regiões do estado (MARTINS et al., 2015a; ANDRARE et al., 2017).

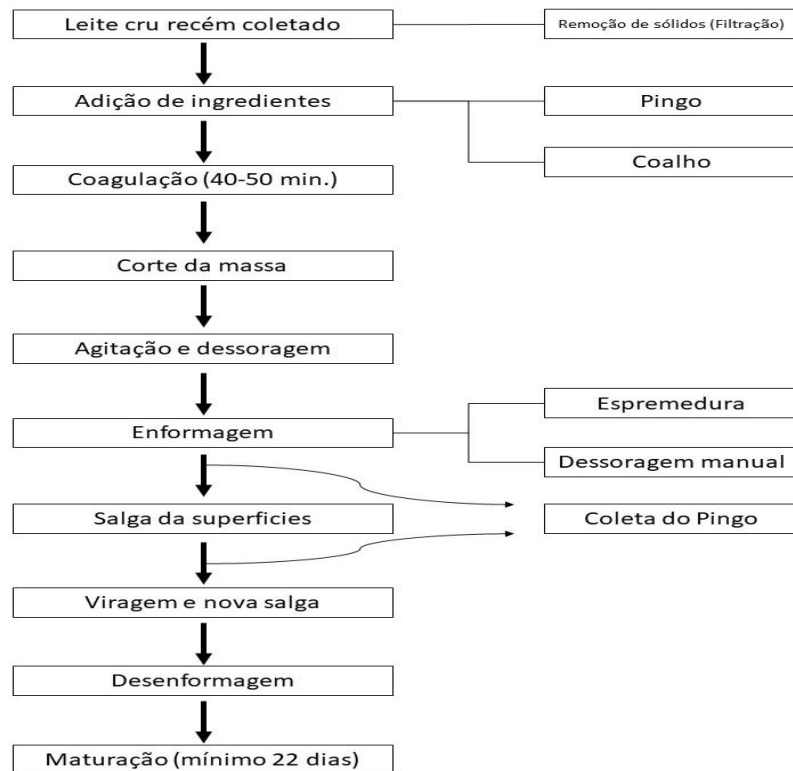


Figura 3- Fluxograma da produção do queijo Minas artesanal da Canastra, adaptado de IPHAN (2014).

2.2 “Pingo”- Fermento natural

O fermento, também chamado pelos produtores de “pingo”, representa o soro que se solta a partir do dessoramento espontâneo do queijo. É constituído de uma microbiota que beneficia o queijo em sua formação. Este fato torna esse ingrediente indispensável para a obtenção de um queijo de qualidade, com um perfil sensorial próprio da região onde se é fabricado (DORES e FERREIRA, 2012).

A coleta desse fermento endógeno é feita logo após a salga do queijo, e é mantido em temperatura ambiente até o dia posterior, quando será utilizado. Essa prática contribui para valores de acidez e pH que propiciam o crescimento de microrganismos como bactérias do ácido lático (BAL), fungos e até alguns microrganismos indesejáveis com potencial patogênico, como *Staphylococcus aureus* e *Escherichia coli* (NÓBREGA et al., 2008).

A microbiota presente no “pingo” e conseqüentemente no queijo, é composta predominantemente por BAL, sendo esses microrganismos de grande importância para a preservação e qualidade do produto final. Pesquisas realizadas sobre este tipo de fermento

demonstram que a presença de *Lactobacillus paracasei* e *Lactobacillus plantarum*, apresentaram atividade antagonista sobre os patógenos indicadores de má qualidade, como por exemplo, *E. coli*, *Listeria Monocytogenes*, *Salmonella Enteritidis* e *Staphylococcus aureus* (RAFAEL, 2017). Em outras pesquisas, Nobrega e colaboradores (2008) após analisarem a composição leveduriforme do “pingo” utilizado para produção de queijos Minas artesanal, identificaram as seguintes espécies: *Debaryomyces hansenii*, *Torulaspora delbrueckii*, *Kluyveromyces lactis* e *Kluyveromyces marxianus*. A espécie *Kluyveromyces lactis*, apresenta propriedades probióticas e com potencial aplicações biotecnológicas, podendo ser usada como co-cultura iniciadoras para contribuir com propriedades funcionais relacionadas à qualidade e à saúde dos produtos lácteos (FADDA et al., 2017).

Fatores como o ambiente, o método de ordenha, a época do ano e as diferentes regiões em que são produzidos os queijos Minas artesanais influenciam na composição da microbiota endógena nos “pingos” (BORELLI, 2006; NÓBREGA, 2007). A microbiota também influencia na maturação, promovendo maior extensão de proteólise (SILVA et al., 2011). Por isso para se obter um produto final de qualidade deve-se fazer um estudo mais detalhado sobre os microrganismos presentes no fermento endógeno, de maneira a tentar selecionar somente aqueles mais adequados para a fabricação dos queijos (TODESCATTO, 2014). Além disso, para que se mantenha a qualidade dos queijos artesanais, é importante também o controle das populações microbianas indesejáveis (NÓBREGA et al., 2008).

2.3 Microbiota *terroir* de queijos Minas artesanal

A palavra *terroir* teve sua origem na França e tem como objetivo proteger os produtos tradicionais da agricultura regional de interesses internos e externos. Ela está relacionada as peculiaridades do território e ao ambiente de uma certa região e irá expressar a qualidade, tipicidade e identidade de um produto, como por exemplo, queijos e vinhos (TURBES et al., 2016). Basicamente é um sistema de interações entre fatores biofísicos e humanos que são construídos durante a história, sendo específicos de uma área geográfica limitada (MARTIN et al. 2016).

A União Europeia, baseada no conceito do termo *terroir*, estabeleceu a Denominação de Origem Protegida (DOP), no qual é responsável por promover e proteger a designação de produtos agrícolas. O DOP são indicações geográficas protegidas precisas e garantem que um produto é oriundo de uma certa região e todos seus atributos estão relacionados ao local de

origem, como as características ambientais naturais, ao modo de produção e a tradição das pessoas que habitam a região (TURBES et al., 2016).

A microbiota do queijo é o principal fator que altera qualidade sensorial final do produto (sabor, aroma, textura e aparência). A quantidade e sua diversidade dependem das condições de fabricação e manipulação, da qualidade do leite, das condições ambientais (temperatura e umidade) e da exposição aos microrganismos durante e após a fabricação dos queijos (PERIN et al., 2017). Enólogos franceses argumentam que o *terroir* não é redutível apenas a região, mas sim ao conjunto de condições ambientais e práticas culturais específicas realizadas ao longo de sucessivas gerações (DEMOSSIER, 2011; TEIL, 2012).

O leite cru é rico em nutrientes e fornece as condições adequadas para o crescimento de várias espécies de microrganismos, sua ocorrência é influenciada pelo estado de saúde do animal, tempo e criação de condições fisiológicas favoráveis (CALLON et al. 2007). Gêneros como *Penicillium*, *Geotrichum*, *Aspergillus*, *Mucor* e *Fusarium* são comumente encontrados em queijos preparados a partir do leite cru. Embora algumas espécies dos gêneros *Penicillium* e *Mucor* sejam essenciais na maturação de alguns tipos de queijo, devido à capacidade de alterar sabor e aroma, somente *Geotrichum candidum* é reconhecido como fungo de leite (LAVOIE, et al. 2012; BUDAK, et al. 2016). Fungos possuem um importante papel na fabricação e maturação dos queijos, pois atuam degradando os constituintes do leite, como proteínas e lipídios e melhoram a qualidade da textura, do sabor e do valor nutricional devido à ação de suas enzimas (HYMERY, 2014).

As leveduras por sua vez são pertencentes aos gêneros *Candida*, *Cryptococcus*, *Debaryomyces*, *Kluyveromyces*, *Kodamaea*, *Pichia*, *Rhodotorula*, *Saccharomyces*, *Torulasporea*, *Trichosporon*, *Yarrowia* e *Zygosaccharomyces*. Embora sejam encontrados vários gêneros, a espécie mais comumente isolada de queijos é *Debaryomyces hansenii*, que em estudos demonstraram interferências sobre a esporulação e o crescimento dos fungos filamentosos micotoxigênicos devido a sua atividade de controle biológico, além de ter potencial probiótico (ŠURANSKÁ, 2016; MEDINA-CÓRDOVA et al. 2018).

As BAL entre todos é um dos principais grupos microbianos encontrados em queijos feitos a partir de leite cru e têm um papel importante na produção de variados queijos devido às suas propriedades biotecnológicas e potencial biopreservativo (PERIN et al., 2015, PICON et al., 2015). Características específicas são geradas a partir das vias metabólicas das BAL, resultando em uma diversidade de compostos de sensoriais (MONTEL et al., 2014). Dentre as espécies encontradas nos queijos produzidos na serra da Canastra, *Lactobacillus paracasei*, *L.*

delbrueckii, *L. rhamnosus*, *L. plantarum*, *L. brevis*, *Pediococcus acidilactici*, *W. paramesenteroides* e *Enterococcus faecalis* são as mais comumente identificadas (LIMA et al, 2009; PERIN et al., 2017)

Desta forma, o termo “microbiota *terroir*” surge a partir da necessidade de explicar a profunda relação entre a comunidade microbiana nativa e as características de um determinado produto alimentício (FELDER et al.,2012).

2.4 Características sensoriais de queijos maturados

Dependendo de seu tipo, um queijo pode ser maturado por duas semanas ou por anos. Ao longo deste período acontecem complexas alterações microbiológicas e bioquímicas importantes à segurança e as características sensoriais pretendidas para o produto (LAVASANI et al., 2012; PERIN et al., 2017). O processo de maturação do queijo é composto por um conjunto de modificações bioquímicas que incluem lipólise, proteólise e a glicólise. Como resultado, os principais componentes do queijo, como proteínas, lipídeos e carboidratos são transformados em produtos primários com modificações decorrentes de maior ou menor intensidade que os transformam em produtos secundários, como demonstrado na Figura 4. (PAGTHINATHAN e NAFEES, 2015).

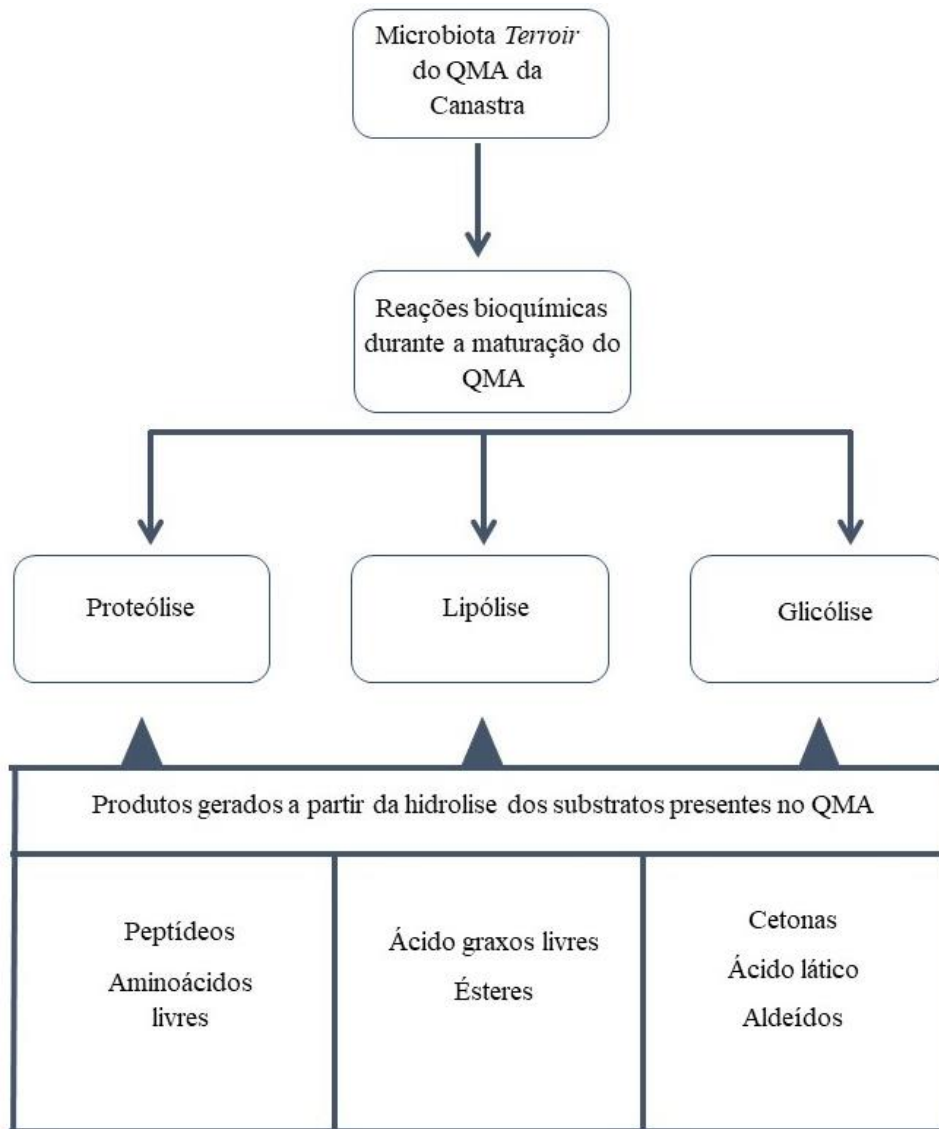


Figura 4- Principais produtos resultantes das transformações bioquímicas durante o processo de maturação em Queijo Minas Artesanal.

2.4.1 Lipólise

A lipólise é o processo bioquímico responsável pela hidrólise dos lipídios resultando na liberação de ácidos graxos de cadeia média e curta. A liberação desses ácidos graxos de baixo peso molecular, por ação lipolítica desempenha um papel crucial no desenvolvimento do aroma e sabor do queijo (SANTOS et al., 2012). A microbiota presente tem grande influencia sobre o processo lipolítico nos queijos (MCSWEENEY; SOUSA, 2000).

Este evento bioquímico também pode proporcionar alterações quanto ao aspecto nutricional, porque além de aumentar a liberação de ácidos graxos de cadeias poli-insaturadas,

provoca a redução de triglicerídeos hepáticos (O'SHEA et al., 2012). Com a liberação de ácido linoleico, também pode ocorrer a ação de isomerases e produção de isômeros de ácido linoleico (CLA- ácido linoleico conjugado). Os CLAs apresentam excelente potencialidade bioativa, originando propriedades anti-inflamatórias, anti-cancerígena, anti-aterogênica e anti-diabetogênica (MARRONE et al., 2014). Segundo Prandini e seus colaboradores (2011), já existe um potencial associado à presença de algumas bactérias lácticas, como *Bifidobactérias*, *Propionibacteria*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus rhamnosus* e *Lactobacillus acidophilus*, com a produção de isômeros do ácido linoleico.

2.4.2 Proteólise

No aspecto bioquímico e sensorial, para a maioria dos queijos, a proteólise das caseínas é uma das principais alterações que acontece durante a maturação, pois contribui com a redução da firmeza. Além disso, promove redução na atividade de água na matriz dos queijos decorrente da ligação entre a água livre e os grupos amino formados pela proteólise.

Neste processo, as proteínas são degradadas liberando peptídeos e aminoácidos livres, esta degradação envolve a ação de enzimas presentes no leite e no agente coagulante; e de enzimas microbianas, originadas pelas bactérias lácticas adicionadas no processo do produto. Como resultado deste conjunto de ação proteolítica, originam-se compostos responsáveis pelo sabor e aroma específicos dos queijos e modificações na textura do produto (FOX et al., 2017).

As enzimas que atuam no processo de proteólise são as endoproteínases, que hidrolisam nas ligações peptídicas específicas do interior da cadeia polipeptídica e as exopeptidases, que hidrolisam um aminoácido de cada vez, em ambas as extremidades N-terminal (aminopeptidases) e C-terminal (carboxipeptidases) (HAYALOGLU et al., 2013a)

A atividade proteolítica é executada em duas fases sequenciais: uma no início da maturação, que é denominada como proteólise primária ou em extensão, realizada principalmente pela ação das enzimas resultantes do coalho adicionado que possui agentes coagulantes ou endógenas do leite, e outra iniciada durante a maturação. Esta segunda etapa de proteólise, é denominada como proteólise secundária ou grau de profundidade, a qual é realizada principalmente pela ação das enzimas originadas pelas bactérias lácticas adicionadas na elaboração do produto. A proteólise primária resulta principalmente na degradação da

caseína e liberação de polipeptídeos e a secundária na degradação dos polipeptídeos à peptídeos de baixo peso molecular e aminoácidos (BONTINIS et al., 2012).

Conforme Lavasani et al. (2012), a relação entre nitrogênio solúvel em ácido tricloroacético (TCA) e nitrogênio total é indicativo do teor de peptídeos de cadeia curta e de aminoácidos. Entende-se, portanto, que quanto maior esta relação maior a intensidade da proteólise durante a maturação (GALÁN et al., 2012).

2.4.3 Glicólise

O processo metabólico glicolítico conduz através de várias reações a degradação da molécula de lactose encontradas no leite, a qual é rapidamente convertida em ácido láctico pela ação das bactérias lácticas. Esse ácido produzido servirá também como substrato para o desenvolvimento microbiano. O composto intermediário formado durante a conversão de lactose em ácido láctico é o piruvato, o qual pode ser convertido em várias substâncias aromáticas de cadeia curta, tais como: diacetil, acetona, acetaldeído, etanol e acetato (VOIGT et al., 2010; MOREIRA et al., 2013). A produção de ácido láctico é muito importante em queijos, pois acarreta na redução do pH do produto, influenciando na solubilidade e consequentemente na textura do mesmo. Além do ácido láctico, a via glicolítica pode resultar na produção de outros ácidos orgânicos que proporcionarão características específicas ao perfil aromático do produto final, principalmente em queijos frescos (SOUZA et al., 2014).

Alguns estudos tiveram como objetivo a identificação de compostos voláteis em queijos maturados responsáveis pela formação de sabor e aroma. Com o emprego da cromatografia gasosa acoplada a espectrometria de massa (CG-EM), Penland e colaboradores (2021) identificaram 54 compostos voláteis presentes em amostras de queijos maturados de cabra. Os autores associaram alguns compostos sendo produzidos no período inicial da maturação e outros no período tardio da maturação, dentre os compostos descobertos estão: 3-metil-1-butanol, ácido 3-metil-butanoico, ácido 3-metil propanoico, 2-fenilacetaldeído, 2-fenil-etanol, álcool secundário 2-heptanol, metil cetonas (non-8-en-2-ona, octan-3-nona, 2-pentanona, 2-heptanona, 2-hexanona, 2-nonanona) e ácidos graxos (ácido butanoico, hexanoico, pentanoico, octanoico, nonanoico e decanoico). Sendo esses os responsáveis pelas características sensoriais e físicas finais do queijo (GALÁN et al. 2012; LAVASANI et al. 2012; PENLAND et al., 2021).

2.5 Métodos de identificação de microrganismos

Existem diversos métodos para a caracterização e identificação de microrganismo que podem ou não depender de meios de culturas durante os processos. As técnicas que dependem de meios de culturas são chamadas de “métodos dependentes de cultivo” e os que não utilizam meios para realizar suas técnicas são denominadas de “métodos independentes de cultivo”

Os métodos dependentes de cultivo consistem na identificação dos microrganismos baseadas em características fenotípicas. Comumente, essas metodologias são úteis para a compreensão do potencial fisiológico dos organismos isolados, além disso quando comparados com métodos baseados em apenas análises moleculares são relativamente mais baratas, motivos pelos quais são amplamente utilizados. (SILVETTI et al., 2017). Porém, essa metodologia é bem limitada, impedindo as vezes o crescimento dos microrganismos no ambiente de laboratório por alguns fatores, como por exemplo, células que foram submetidas a estresse e lesões não são identificadas e populações microbianas mais abundantes frequentemente inibem o crescimento daquelas menos numerosas (COCOLIN et al., 2007).

Os métodos independentes de cultivo contornam essa problemática associada ao cultivo dos microrganismos. Eles consistem na caracterização molecular da comunidade. As moléculas alvo preferenciais são ácidos nucleicos extraídos diretamente da amostra em estudo, tendo como objetivos mais frequentes a avaliação da diversidade filogenética e relação com diversidade de funções, identificar funções codificadas pela comunidade e efeitos no ecossistema, avaliar a contribuição de elementos genéticos móveis para a plasticidade da comunidade e explorar o potencial de aplicações biotecnológicas. A abordagem ao problema deve ter em conta a quantidade de informação necessária, o volume de trabalho laboratorial e de análise de dados e os custos (FOSTER and ZEHR, 2006, YOON et al., 2015).

2.6 Metagenômica: um método independente de cultivo

Por muitos anos, os microbiologistas ignoraram o desafio de identificar e caracterizar organismos não cultiváveis. Entre os anos de 1960 e 1970 alguns cientistas sugeriam que meios de cultura não representavam o espectro completo da real diversidade microbiana. Posteriores estudos sobre a atividade de microrganismos aquáticos não fotossintéticos evidenciaram que grande parte dos microrganismos não são cultiváveis em meios de cultura.

O que levou aos pesquisadores a criar metodologias eficientes capazes de detectar esses tipos de organismos, como o caso da metagenômica (HANDELSMAN, 2004).

O termo metagenômica surgiu pela primeira vez uma década após o sequenciamento de Sanger (método de terminação de cadeia), tendo sido o termo utilizado para definir o conjunto de genomas que podia ser encontrado num determinado ambiente (HANDELSMAN, 2004). Atualmente, o termo é associado à análise direta de todos os genomas contidos em um ambiente, sem a necessidade prévia de cultivo, quer seja através de sequenciamento, ou outras técnicas como PCR (Polymerase Chain Reaction) de genes específicos (OULAS et al., 2015).

A partir de 2005, o número de artigos publicados sobre metagenômica cresceu de forma exponencial, acumulando aproximadamente 58 mil trabalhos diferentes publicados entre 2005 e até o começo do ano 2022. Essa explosão de trabalhos em metagenômica foi possível devido aos avanços nas tecnologias de sequenciamento de DNA (GARRIDO-CARDENAS E MANZANO-AGUGLIARO, 2017). A partir de 2004, com o aparecimento das tecnologias de NGS (Next-Generation Sequencing), tornou-se possível e financeiramente viável uma abordagem de sequenciamento em larga escala de amostras ambientais, permitindo identificar espécies com elevada capacidade de biodegradação mesmo quando estas espécies representam uma pequena fração de todo o ecossistema (DAVENPORT E TÜMMLER, 2013; YOON et al., 2015).

As tecnologias de sequenciamento de alto rendimento, tanto a metagenômica *shotgun*, quanto o sequenciamento de amplicons direcionado, por exemplo, o gene 16S rRNA, foram amplamente adotadas para o estudo de microbiomas, incluindo aqueles relativamente diversificados e ricos em espécies (ALMEIDA et al., 2019; DOUGLAS et al., 2020).

Embora as abordagens baseadas em sequenciamento de amplicons nos forneçam resultados valiosos, o sequenciamento metagenômico *shotgun* pode fornecer maiores informações sobre a microbiota, particularmente no que diz respeito à elucidação do potencial funcionamento dos microrganismos presentes e à capacidade de gerar genomas montados em metagenomas. Esses metagenomas por sua vez fornecem informações genômicas essencialmente completas para os principais gêneros e/ou espécies presentes na amostra, revelando suas potenciais propriedades funcionais e o impacto que causam no que diz respeito a segurança alimentar (McHUGH et al., 2020).

O sequenciamento *shotgun*, como uma abordagem não direcionada, sequencia todo o DNA encontrado na amostra, incluindo os dos animais e manipuladores, que no caso do QMA

pode representar uma quantia considerável de DNA presente (McHUGH et al., 2020). Por isso é importante para o pesquisador fazer uma busca minuciosa nos resultados obtidos pelo estudo da bioinformática, afim de remover resultados que potencialmente não fazem parte da amostra analisada.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Amostragem

Foram coletados duas peças inteiras (uma peça de casca lisa e outra peça de casca florida) de queijo de três queijarias diferentes certificadas localizadas no município de São Roque de Minas, na região da Serra da Canastra, no estado de Minas Gerais, Brasil, em junho no ano de 2019. Os queijos coletados foram classificados como SC1 (20 ° 11'8,07 "S, 46 ° 21'23,42" O), SC2 (20 ° 12'27,05 "S, 46 ° 21'37,25" O) e SC3 (20 ° 13'18,28 "S, 46 ° 20'25,67" O). As amostras SC1 e SC2 foram coletadas com uma maturação de 22 dias, enquanto SC3 teve uma maturação estimada de 60 dias. As peças de queijos foram coletadas de acordo com a disponibilidade de cada produtor. As peças de casca lisas foram denominadas de SC1-R1, SC2-R1 e SC3-R1, e as de casca floridas como SC1-R2, SC2-R2 e SC3-R2.

Todas as amostras foram embaladas, armazenadas em sacos estéreis e transportadas sob refrigeração para o laboratório de Micologia e Micotoxinas do Departamento de Ciência de Alimentos da Universidade Federal de Lavras, onde permaneceram armazenadas em ultrafreezer até posterior análise.

3.2 Análise Metagenômica

3.2.1 Preparação das amostras

Foram feitos pontos equidistantes de aproximadamente 1:1 (cm/cm) de largura e profundidade nas cascas de cada um dos queijos, nas partes laterais, na parte superior e na parte inferior, a um total de 10 pontos. O queijo então foi cortado ao meio e o miolo também foi preparado sendo feito apenas um ponto em cada uma das partes na proporção de 2:1

(cm/cm) de largura e profundidade. As amostras de cada queijo então foram homogeneizadas e separadas em *ependorfs*. As amostras foram preservadas e encaminhadas para a empresa de Biotecnologia Pesquisa e Inovação (BPI BIOTECNOLOGIA) de Botucatu-SP, onde foram feitas as análises metagenômicas.

3.2.2 Extração do material genético

As amostras foram encaminhadas ao laboratório da BPI e o material genético de cada amostra teve seu DNA total extraído através do kit ZR Fungal/Bacterial DNA MiniPrep™ (Zymo Research cód. D6005) de acordo com protocolo do fabricante e passou por análise de qualidade através da quantificação por fluorescência utilizando o equipamento Qubit® 3.0 Fluorometer e kit Qubit™ dsDNA BR Assay (Thermo Fisher Scientific).

3.2.3 Fragmentação do DNA e adição de sequências adaptadoras

O preparo das Bibliotecas foi realizado utilizando Nextera XT Sample Preparation Kit. O material genético foi fragmentado com ajuda de ação de enzimas específicas e, de forma simultânea, foram adicionadas sequências adaptadoras (*tags*) de acordo com protocolo do kit Nextera XT (Illumina).

3.2.4 Amplificação do DNA

Nesta etapa amplificou-se material genético, já fragmentado, inserindo os indexadores nos adaptadores comuns, que são necessários para a geração de clusters e sequenciamento das amostras. A PCR foi realizada seguindo o protocolo do kit Nextera XT Index (Illumina) e a relação de index utilizados estão descritos na Tabela 1. O programa de amplificação consiste em incubações à 72°C por 3 minutos e 95°C por 30 segundos, seguidos de 12 ciclos de 95°C por 10 segundos, 55°C por 30 segundos e 72°C por 30 segundos e incubação final a 72°C por 5 minutos, de acordo com o protocolo do fabricante. As reações de amplificação foram conduzidas em termociclador Veriti™ Thermal Cycler (Applied Biosystems).

Tabela 1 – Relação amostras e *barcodes* Illumina.

Amostras	Nº interno BPI /2021	Index Illumina	
		S5	N7
SC1 - Queijo 1	PQ_1282	S507 (AAGGAGTA)	N728 (TGCAGCTA)
SC1 - Queijo 2	PQ_1283	S502 (ATAGAGAG)	N729 (TCGACGTC)
SC2 - Queijo 1	PQ_1284	S503 (TATCCTCT)	N729 (TCGACGTC)
SC2 - Queijo 2	PQ_1285	S505 (CTCCTTAC)	N729 (TCGACGTC)
SC3 - Queijo 1	PQ_1286	S506 (TATGCAGT)	N729 (TCGACGTC)
SC3 - Queijo 2	PQ_1287	S507 (AAGGAGTA)	N729 (TCGACGTC)

3.2.5 Purificação e quantificação da biblioteca

Seguindo os protocolos dos fabricantes, as bibliotecas geradas foram submetidas as etapas de purificação utilizando bead magnética Agencourt AMPure XP (Beckman Coulter), para remoção fragmentos muito pequenos da população total de moléculas e alguns vestígios restante de primers. As bibliotecas então purificadas foram quantificadas pela metodologia de PCR Tempo Real utilizando Kit KAPA Library Quantification Kit - Illumina/Universal (Roche). As amplificações em tempo real foram conduzidas em termociclador QuantStudio3™ (Applied Biosystems). Gerou-se um Pool equimolar, através da normalização de todas as amostras a 3nM, para realização do sequenciamento, o qual foi conduzido utilizando a plataforma Illumina MiSeq de sequenciamento de nova geração (Illumina®Sequencing) e kit Miseq Reagent V2 Nano (500 ciclos) – 2 x 250 pb.

3.2.6 Bioinformática

Os dados brutos do sequenciamento foram processados no programa Kraken 2 (WOOD and LANGMEAD, 2019) e, posteriormente, alinhados com as sequências de microrganismos contidas no banco NCBI.

3.3 Detecção de compostos orgânicos voláteis (COVs) por CG-EM

As análises dos COVs produzidos no queijo foram realizadas no Centro de Análises e Prospecções Químicas (CAPQ) do Departamento de Química da Universidade Federal de

Lavras - UFLA. Os COVs das amostras foram extraídos via headspace – método de microextração de fase sólida (MEFS) e submetidos a cromatografia gasosa de alta resolução acoplada ao espectrômetro de massas (CG-EM). Para o preparo das amostras foram retiradas 10 porções distribuídas entre a casca e o miolo dos queijos (de acordo com a metodologia já descrita anteriormente no item 3.2.1), as quais as duas amostras de cada queijaria foram trituradas e homogeneizadas com nitrogênio líquido, fracionadas em frascos de 20 mL e submetidas a análises.

A extração de headspace – MEFS foi realizada utilizando uma fibra DVB/CAR/PDMS (divinilbenzeno/carboxeno/polidimetilsiloxano) com espessura de 50/30 mm. As amostras foram incubadas a 60°C por 10 minutos e então a fibra foi exposta no headspace por 30 min. Após a extração, a fibra foi inserida no injetor do cromatógrafo (SHIMADZU-CG/MS-QP2010) para separação e identificação dos compostos voláteis adsorvidos das amostras. As moléculas foram dessorvidas no injetor (SHIMADZU-AOC5000) a 250°C por 5 min, no modo Splitless. O equipamento foi equipado com uma coluna capilar de sílica fundida SLB-5MS (Supelco, 30 mm x 0,25 mm x 0,25 µm) com temperatura inicial do forno elevada para 40°C por 10 min, e depois ajustada para 230°C, a uma taxa de elevação de 5°C/min, com um tempo total de execução de 53 minutos. O gás hélio foi usado como gás de arraste com uma vazão de 2,0 mL/min. Os compostos foram identificados a partir da integração dos picos obtidos e sua comparação com os espectros de massa presentes no banco de dados NIST (GCMS SOLUTION LIBRARY, 2020). Os resultados foram expressos em porcentagem da área de cada analito identificado.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Metagenômica *shotgun*: identificação de bactérias associados ao queijo maturado da Serra Canastra

A análise metagenômica foi feita nas amostras obtidas nas três queijarias, estudando a casca e o centro dos queijos, e após as sequências serem analisadas, elas foram agrupadas de acordo com sua similaridade (Anexo 1). A análise metagenômica *shotgun* identificou para as peças de cada produtor ao todo 84.637 sequências para as amostras denominadas SC1, 47.614 sequências para as SC2 e 60.037 sequências para as SC3, pertencentes a 11 filos bacterianos,

como mostrado na Tabela 2. Os resultados foram agrupados e as abundancias foram geradas considerando a quantidade de sequências diferentes identificadas pela metagenômica.

Tabela 2 – Relação de filios encontrados nas amostras de QMA da Serra da Canastra, utilizando a metagenômica shotgun como forma de identificação.

Filos	Número der sequências identificadas					
	SC1-R1	SC1-R2	SC2-R1	SC2-R2	SC3-R1	SC3-R2
<i>Actinobacteria</i>	28379	4480	4795	16607	16702	8179
<i>Bacteroidetes</i>	3	124	5	4	6	37
<i>Deinococcus</i>	1	-*	1	1	-	1
<i>Firmicutes</i>	4176	15674	15909	9919	3800	30812
<i>Fusobacteria</i>	-	-	-	1	1	1
<i>Planctomycetes</i>	1	1	1	2	-	2
<i>Proteobacteria</i>	156	31632	216	148	122	370
<i>Spirochaetes</i>	4	3	-	-	-	1
<i>Synergistetes</i>	-	-	1	2	-	-
<i>Tenericutes</i>	-	1	-	1	1	2
<i>Thermotogae</i>	2	-	-	1	-	-
Numero total de Sequências	32722	51915	20928	26686	20632	39405

* Não foram observadas sequências pertencentes ao filo nessas amostras.

Para a queijaria denominada de SC1 foram encontradas bactérias pertencentes a 8 filios diferentes na amostra SC1-R1 e 7 filios na SC1-R2; já para as amostras da queijaria SC2 foram observados 7 filios para SC2-R1 e 10 filios para SC2-R2; as amostras da queijaria SC3 foram encontrados 6 filios para SC3-R1 e 9 filios para SC3-R2.

Os filios *Actinobacteria* e *Firmicutes* foram os mais prevalentes em quase todas as amostras, com exceção da amostra SC1-R2 no qual o filo *Proteobacteria* se sobressaiu aos demais. Outros que também foram observados em menor destaque em relação ao numero de sequencias de bactérias encontradas nas amostras foram *Bacteroidetes*, *Deinococcus*, *Fusobacteria*, *Planctomycetes*, *Spirochaetes*, *Synergistetes*, *Tenericutes* e *Thermotogae*, cada um representando menos de 1% em todas as amostras.

O filo *Actinobacteria* compreende uma ampla variedade de bactérias pertencentes a diversos gêneros, são altamente tolerantes a presença de sal e de grande interesse para a produção de produtos lácteos, principalmente queijos. Observamos uma representação desse

filo de 86,73% na amostra SC1-R1, 8,63% na amostra SC1-R2, 22,91% na amostra SC2-R1, 62,23% na amostra SC2-R2, 80,95% na amostra SC3-R1 e 20,76% na amostra SC3-R2 (Tabela 2). Os gêneros de maior abundância encontrados nesse filo foram *Acidipropionibacterium*, *Brevibacterium* e *Corynebacterium*, no qual foram observados a presença dos mesmo em todas as amostras estudadas (Gráfico 1).

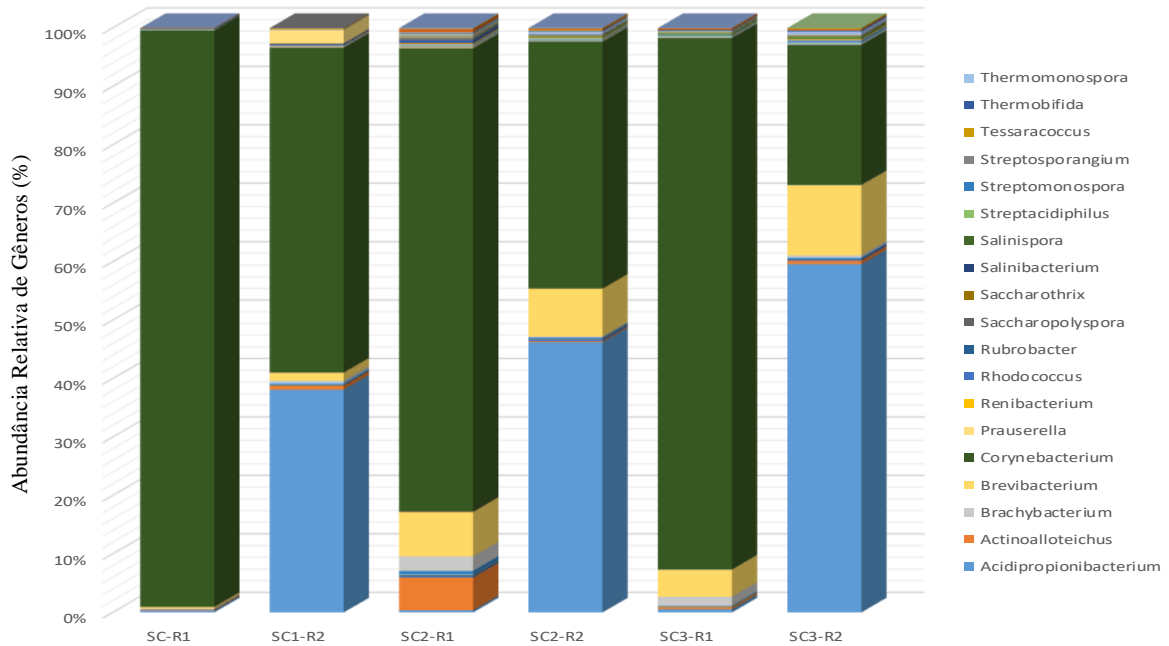


Gráfico 1 – Abundância relativa de gêneros pertencentes ao filo *Actinobacteria* observados nas amostras SC1-R1, SC1-R2, SC2-R1, SC2-R2, SC3-R1 e SC3-R2, utilizando a metagenômica shotgun.

As acidipropionibacterias são encontradas principalmente no leite, queijo e alguns outros produtos fermentados, assim como a silagem. Elas são usadas principalmente como culturas que auxiliam a maturação para a fabricação de alguns tipos de queijos. A fermentação do ácido propiônico é responsável pelos buracos característicos (chamados de olhaduras) e pelo sabor de nozes e levemente adocicado que levam alguns queijos maturados. A espécie *A. acidipropionici* foi observada em um total de 1.651, 7.202 e 4.644 sequências para as amostras SC1, SC2 e SC3, respectivamente. Essa espécie têm uma longa história documentada de uso seguro em alimentos, ganhando o status GRAS (geralmente reconhecidos como seguros) nos Estados Unidos (TURGAY et al, 2020). Neste estudo foram encontrados 86 (0,26%) sequências desse gênero para a amostra SC1-R1, 1693 (3,26%) para a

amostra SC1-R2, 17 (0,08%) para a amostra SC2-R1, 7673 (28,75%) para a amostra SC2-R2, 90 (0,44%) para a amostra SC3-R1 e 4873 (12,37%) para a amostra SC3-R2.

Brevibacterium é um gênero comumente mais encontrados na casca de queijos do que em seu centro e as espécies pertencentes a esse gênero tem uma influencia importante sobre o sabor, aroma e cor de alguns tipos de queijos (FRÉTIN et al, 2018). Em estudos foi observado que *B. linens* produz uma protease extracelular e tem a capacidade de produzir altos níveis de metanotiol, sendo este último associado a notas de enxofre do queijo tipo Cheddar desejáveis para este alimento, o qual confere que o queijo é de boa qualidade (DIAS and WEIMER, 1998; SMIT et al, 2005), em nossos estudos o total de sequencias encontradas para essa espécie foi de 179 para as amostras SC1, 1.187 para as SC2 e 932 para as SC3. Para esse gênero observamos um total de 80 (0,24%) sequências diferentes na amostra SC1-R1, 62 (0,11%) na SC1-R2, 364 (1,73%) na SC2-R1, 1356 (5,08%) na SC2-R2, 780 (3,78%) na SC3-R1 e 981 (2,49%) na SC3-R2.

O gênero *Corynebacterium* geralmente é encontrado na superfície dos queijos e é um importante grupo de microrganismos durante o processo de maturação, isso se deve ao fato de sua resistência a altas concentrações de sal e de sua excelente atividade proteolítica. Eles são responsáveis pela produção de compostos voláteis que contribuem para o aroma, textura e cor dos queijos maturados (MOREIRA, 2011). Foram encontrados para esse gênero 27771 (84,86%) sequências na amostra SC1-R1, 2467 (4,75%) na SC1-R2, 3796 (18,14%) na SC2-R1, 7007 (26,25%) na SC2-R2, 15180 (73,58%) na SC3-R1 e 1955 (4,96%) na SC3-R2.

O filo *Firmicutes* compreende o grupo de bactérias de grande interesse na cadeia produtiva de queijos, geralmente são esses os responsáveis pela rápida acidificação dos queijos e promovem uma maior segurança contra o aparecimento de diversos contaminantes do alimento. Algumas espécies como as bactérias do ácido lático são utilizadas como cultura startes de diferentes tipos de queijos industriais (GIANNINO et al. 2009). Em nossos estudos foi possível observar uma representação de 12,76% desse filo na amostra SC1-R1, 30,19% na SC1-R2, 76,02% na SC2-R1, 37,17% na SC2-R2, 18,42% na SC3-R1 e 78,19% na SC3-R2 (Tabela 2).

Os gêneros de maior abundância foram *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Streptococcus* e *Weissella*, os quais foram observados em todas as amostras, com exceção da amostra SC3-R1 que não foi identificada a presença do gênero *Weissella* (Gráfico 2).

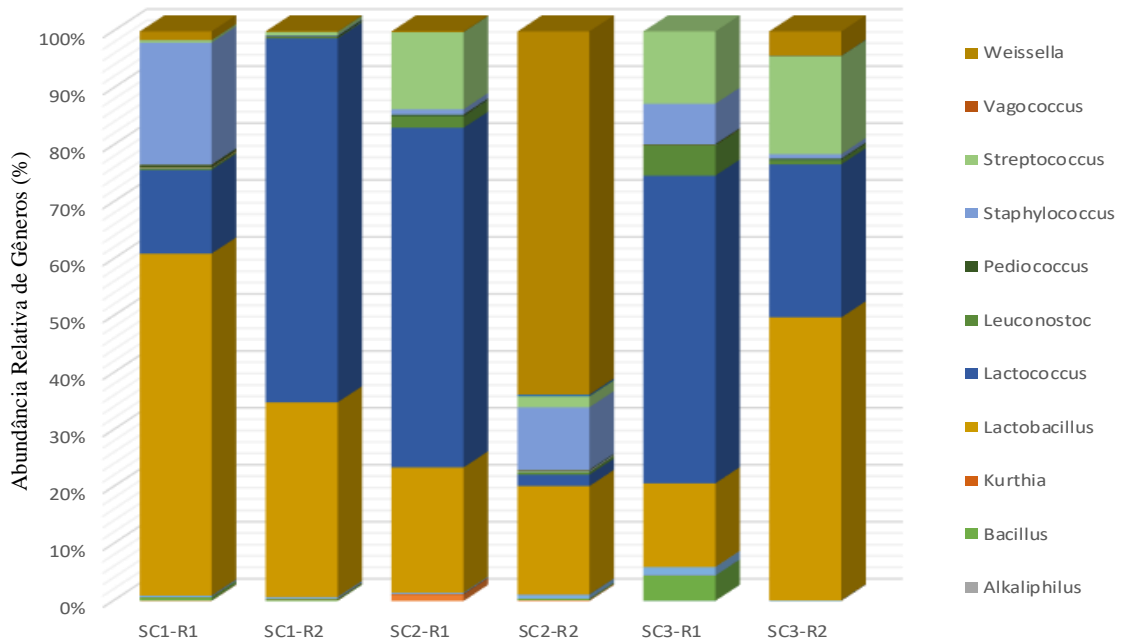


Gráfico 2 – Abundância relativa de gêneros pertencentes ao filo *Firmicutes* observados nas amostras SC1-R1, SC1-R2, SC2-R1, SC2-R2, SC3-R1 e SC3-R2, utilizando a metagenômica shotgun.

Lactobacillus é um dos gêneros mais importantes encontrados em queijos maturados, algumas espécies são consideradas probióticas; ou seja, conferem benefícios à saúde de seu consumidor. Estudos demonstraram a capacidade que *Lactobacillus* sp. tem para atuar nos sistemas digestivo e urinário melhorando as condições dos mesmos, além de ter potenciais efeitos anticancerígenos (PANDEY et al., 2015). Entre outros benefícios para a saúde à utilização de cepas de *Lactobacillus* promovem a proteção contra agentes infecciosos, como *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Listeria monocytogenes* e *Salmonella*, devido à competição de nutrientes, exclusão competitiva, antagonismo direto e modulação imuno e inflamatória (VALENTE et al, 2019; AIT et al, 2021). Foram encontrados para esse gênero 2508 (7,66%) sequências na amostra SC1-R1, 5355 (10,31%) na SC1-R2, 3497 (16,71%) na SC2-R1, 1887 (7,07%) na SC2-R2, 558 (2,7%) na SC3-R1 e 15296 (38,82%) na SC3-R2.

O gênero *Lactococcus* é utilizado como cultura starter para alguns tipos de queijos, como por exemplo o Oaxaca, queijo tipicamente produzido no México feito a partir de leite de vaca. Estudos demonstram que espécies desse gênero são responsáveis pela modulação de sabor do produto, além da rápida acidificação do queijo no estágio inicial de sua produção, elevando a segurança alimentar (CARO et al, 2020). Além disso, um estudo recente

investigou o potencial que *L. lactis* e *L. garvieae* possuem para inibir o crescimento de patógenos indesejáveis em queijos, utilizando-as como revestimentos comestíveis no produto e mostrou sua eficácia contra *Listeria monocytogenes* (SILVA et al, 2022). *L. lactis* foi observado com altas frequências em nosso estudo, para as amostras SC1 essa espécie tem 10.365 sequencias identificadas, para as amostras SC2 observamos 9.335 sequencias e para as amostras SC3 9.935 sequencias. O gênero *Lactococcus* é representado por 614 (1,88%) sequências na amostra SC1-R1, 10018 (19,3%) na SC1-R2, 9487 (45,33%) na SC2-R1, 197 (0,74%) na SC2-R2, 2052 (9,95%) na SC3-R1 e 8283 (21,02%) na SC3-R2.

Algumas cepas de *Streptococcus*, como a *S. thermophilus*, são usados principalmente como culturas iniciadoras para a produção de queijos. O metabolismo acelerado no início do processo de fabricação do queijo garante que a lactose seja fermentada rapidamente acidificando o meio em que está inserida (SHANI et al, 2021). Esta característica, juntamente com a capacidade de fermentar galactose, torna essas cepas valiosas para a indústria queijeira, reduzindo o tempo de produção e inibindo a proliferação de bactérias indesejáveis (GOBBETTI et al, 2018). Além disso, algumas cepas possuem sua atividade proteolítica participando na formação de aromas, sabores e influenciando na textura dos produtos durante a maturação (MENDE et al, 2016; RODRIGUEZ-SERRANO et al, 2018) e são capazes também de produzir vitaminas do grupo B, compostos benéficos à saúde, e apresentam atributos probióticos (BURTON et al, 2017; MEUCCI et al, 2018). A espécie de *S. thermophilus* foi observado em todas as amostras, porem teve maior frequência nas amostras SC3 com 898 sequencias. Foram encontrados para esse gênero 18 (0,06%) sequências na amostra SC1-R1, 89 (0,17%) na SC1-R2, 2152 (10,28%) na SC2-R1, 188 (0,7%) na SC2-R2, 482 (2,34%) na SC3-R1 e 5298 (13,45%) na SC3-R2.

Weissella é um gênero que contém bactérias Gram-positivas, heterofermentativas, inseridas no grupo das BAL. Essas bactérias são dotadas de potenciais atributos tecnológicos e antimicrobianos, além de possuírem uma ótima atividade na fermentação de carboidratos liberando o ácido lático no meio, auxiliando na produção e inibição de patógenos dos queijos maturados (Teixeira et al, 2022). Foram identificados no nosso estudo para o gênero *Weissella*, 63 (0,19%) sequências na amostra SC1-R1, 12 (0,02%) na SC1-R2, 21 (0,1%) na SC2-R1, 6321 (23,69%) na SC2-R2, nenhuma sequência foi observada na amostra SC3-R1 e 1326 (3,37%) na SC3-R2.

O filo *Proteobacteria* inclui uma variedade de microrganismos com importância biotecnológica, assim como também várias cepas que podem ser patógenos ao seu consumidor, como por exemplo *Escherichia*, *Salmonella* e *Serratia* (MADIGAN et al, 2006). A representação desse filo é de 0,48% para a amostra SC1-R1, 60,93% para a SC1-R2, 1,03% para a SC2-R1, 0,55% para a SC2-R2, 0,59% para a SC3-R1 e 0,94% para a SC3-R2 (Tabela 2). Nesse filo dois gêneros se destacaram na amostra SC1-R2, em comparação com as outras amostras, por sua alta concentração, que são *Alcaligenes* e *Serratia*, (Gráfico 3).

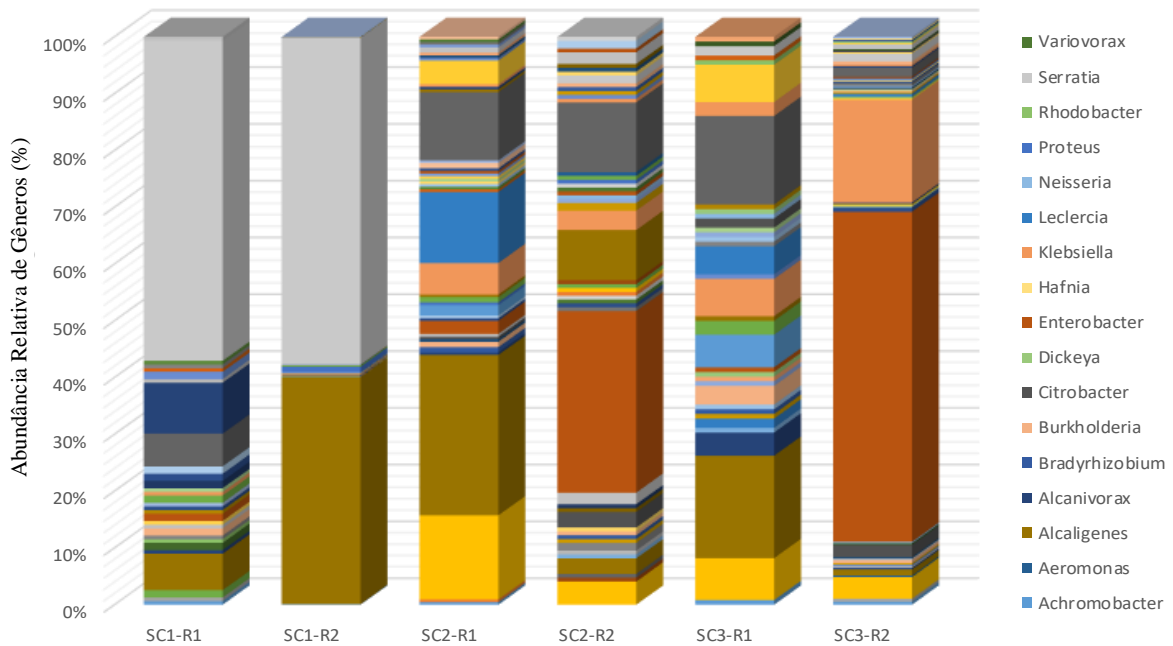


Gráfico 3 – Abundância relativa de gêneros pertencentes ao filo *Proteobacteria* observados nas amostras SC1-R1, SC1-R2, SC2-R1, SC2-R2, SC3-R1 e SC3-R2, utilizando a metagenômica shotgun.

Lemos e colaboradores (2006) mostraram em estudos o potencial que algumas espécies do gênero *Alcaligenes* possui para a produção de polihidroxicarboxilatos (PHAs). Os PHAs são polímeros biodegradáveis promissores que podem ser obtidos através da fermentação microbiana de subprodutos agroindustriais, como por exemplo, leite e soro de queijo e podem auxiliar na substituição do plástico. Entretanto nossos estudos identificaram uma concentração maior da espécie *Alcaligenes faecalis* (11707 sequencias, cerca de 22,55% da amostra) na amostra SC1-R2, espécie essa relatada como causadora de infecções alimentares (OLINDA et al, 2014). A presença dessa espécie pode estar relacionada a alguma contaminação proveniente de falta de higienização durante a manipulação ou contaminação

externa durante o tempo de maturação. Foram encontrados para esse gênero 10 (0,03%) sequências na amostra SC1-R1, 12639 (24,35%) na SC1-R2, 61 (0,29%) na SC2-R1, 4 (0,01%) na SC2-R2, 22 (0,11%) na SC3-R1 e 4 (0,01%) na SC3-R2.

Bactérias da família *Enterobacteriaceae* podem afetar a qualidade dos alimentos, como leite e queijos, por causa de seu metabolismo podem liberar alguns ácidos e amins biogênicos prejudiciais a saúde do hospedeiro, além disso são capazes de se propagar durante todo o processo de maturação (CASTELLANOS-ROZO et al, 2020). Foram encontrados para esse gênero 88 (0,27%) sequências na amostra SC1-R1, 18211 (35,08%) na SC1-R2, não foram identificadas sequências para a amostra SC2-R1, 2 (0,007%) na SC2-R2, 2 (0,01%) na SC3-R1 e 5 (0,01%) na SC3-R2. *Serratia marcescens* é um dos membros mais importante desse gênero e está associada a uma variedade de infecções humanas, principalmente pneumonia, septicemia e infecções urinárias (MLADENOVIC et al, 2018). Em nosso trabalho na amostra SC1-R2 essa espécie foi observada em abundância, 7554 (14,55% da amostra) sequências foram identificadas como *Serratia marcescens* para essa amostra.

O estudo da metagenômica shotgun identificou outros 8 filos em menor abundância quando comparados aos já apresentados, são eles: *Bacteroidetes*, *Deinococcus*, *Fusobacteria*, *Planctomycetes*, *Spirochaetes*, *Synergistetes*, *Tenericutes* e *Thermotogae*. Dentre esses o que mais se destaca é o filo *Bacteroidetes* identificado em todas as amostras, sendo representado por 3 (0,009%) sequências na amostra SC1-R1, 124 (0,24%) na amostra SC1-R2, 5 (0,02%) na amostra SC-R1, 4 (0,01%) na amostra SC2-R2, 6 (0,03%) na amostra SC3-R1 e 37 (0,09%) na amostra SC3-R2. O filo *Deinococcus* foi identificado apenas nas amostras SC1-R1, SC2-R1, SC2-R2 e SC3-R2 com apenas 1 sequência identificada em cada amostra. *Fusobacteria* apareceu nas amostras SC2-R2, SC3-R1 e SC3-R2 com apenas 1 sequência identificada. O filo *Planctomycetes* aparece em todas as amostras, exceto na amostra SC3-R1. *Spirochaetes* aparece nas amostras SC1-R1 (4 sequências), SC1-R2 (3 sequências) e SC3-R2 (1 sequência). *Synergistetes* somente nas amostras SC2-R1 (1 sequência) e SC2-R2 (2 sequências). Já o filo *Tenericutes* aparece nas amostras SC1-R2, SC2-R2, SC3-R1 com 1 sequência identificada e SC3-R2 com 2 sequências identificada. E por fim o filo *Thermotogae* sendo representado por 2 e 1 sequência nas amostras SC1-R1 e SC2-R2, respectivamente (Tabela 2).

4.2 Identificação de COVs

Um total de 66 compostos voláteis foram identificados utilizando a técnica MEFS/CG-EM. As classes químicas majoritárias encontradas foram ácidos, álcoois, aldeídos, cetonas e ésteres.

Quinze ácidos ao todo foram identificados, ácido butanóico, ácido decanóico, ácido hexanoico e ácido octanóico foram os compostos com as maiores áreas relativas (%) entre todos os picos, além disso vários ácidos graxos de cadeia curta foram detectados em todas as amostras (Tabela 3). Estes contribuem para o desenvolvimento do aroma do queijo devido ao forte odor, baixo limiar e por serem precursores de outros compostos altamente aromáticos, como metilcetonas, álcoois, lactonas e ésteres (COLLINS et al., 2003). A lipólise atua no início da produção do queijo quebrando os substratos presentes e liberando ácidos graxos no produto. Alguns autores relacionam essas grandes quantidades de ácidos graxos encontrados em amostras à atividade fermentativa dos microrganismos e também à ação das lipases microbianas liberadas durante a fase de maturação (AMINIFAR et al., 2014; COLLINS et al., 2003). A presença de butanoato de etila (ácido butanóico, éster etílico) foi observada em todas as amostras. Além disso, seu precursor (ácido butanóico) também foi observado em todas as amostras. Isso pode ser explicado pela formação de ésteres na esterificação de ácidos graxos livres e álcoois (BOLTAR et al., 2015).

Tabela 3 - Porcentagem da área relativa do pico dos ácidos identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.

Classe	COVs	IR	(%)*		
			SC1	SC2	SC3
	Ácido butanoico	882	4.771	11.338	1.590
	Ácido isovalérico	939	0.769	0	0.428
	Ácido butanóico, 2-metil	946	2.514	0.491	0.607
	Ácido pentanóico	950	0	0	0.103
	Ácido hexanoico	1023	15.697	38.087	23.586
	Ácido heptanóico	1053	0	0.259	0.248
	Ácido benzenoacético	1135	0	0.093	0.252
	Ácido tridecanóico	1144	0.109	0	0

Ácidos	Ácido nonanóico	1146	0	0.120	0.205
	ácido decanóico	1197	8.829	6.130	24.655
	Ácido octanóico	1202	15.369	16.931	21.499
	Ácido dodecanóico	1315	1.103	0.815	2.964
	Ácido mirístico	1440	0	0	0.214
	Ácido acético	nd	2.258	0.575	0
	Ácido propanoico	nd	0	0.074	2.456

*Determinação baseada na porcentagem de cada componente relativo à área total do pico.

COVs - Compostos Organicos Volateis.

IR - Índice de Retenção.

nd = IR menor do que a classificação do hidrocarboneto avaliado.

Foram observados doze álcoois diferentes nas amostras (Tabela 4). A amostra SC3 apresentou a menor diversidade nesta classe, com apenas cinco compostos. Os compostos 2-heptanol, 2-nonanol e benzenoetanol foram identificados em todas as amostras. Em queijos curados compostos como 2-heptanol, 3-metil-1-butanol, 2-pentanol, 2-nonanol e benzenoetanol, são comumente identificados. Além disso a presença de alguns compostos se deve ao papel de serem precursores para outros compostos, por exemplo, a 2-heptanona atua como precursor do 2-heptanol (BOLTAR et al., 2015).

Tabela 4 - Porcentagem da área relativa do pico dos álcoois identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.

Classe	COVs	IR	(%)*		
			SC1	SC2	SC3
Álcoois	1-Heptanol	988	0.297	0	0
	1-Hepten-3-ol	993	0	0.111	0
	1-octen-3-ol	994	0	0.306	0
	2,3-Butanodiol	814	0.205	0.482	0
	2-Heptanol	938	0.181	0.945	0.423
	2-Nonanol	1060	2.673	4.355	0.145
	2-Pentanol	nd	0	0.028	0.103
	3-Etil-2-pentanol	1133	0	0.06	0

3-Metil-1-butanol	nd	2.624	1.798	0
5-Metil-2-heptanol	1061	0	0	0.306
Benzenoetanol	1066	0.858	1.260	0.043
Álcool α -aminoisopropílico	nd	3.665	0	0

*Determinação baseada na porcentagem de cada componente relativo à área total do pico.

COVs - Compostos Organicos Volateis.

IR - Índice de Retenção.

nd = IR menor do que a classificação do hidrocarboneto avaliado.

A presença de diferentes aldeídos não é alta em comparação aos outros compostos voláteis identificados, apenas três compostos foram detectados para essa classe (Tabela 5), pois são transitórios e não se acumulam ao longo do processo, transformando-se brevemente em álcoois ou ácidos (HAYALOGLU et al., 2013b). Os aldeídos originam-se do catabolismo de ácidos graxos ou aminoácidos por descarboxilação ou desaminação (McSWEENEY e SOUSA, 2000). Os compostos identificados apresentaram áreas relativas pequenas e isso se deve porque as concentrações de aldeídos são influenciadas pelo período de maturação, sendo que baixas concentrações estão associadas a um bom amadurecimento (HAYALOGLU et al., 2013b).

Tabela 5 - Porcentagem da área relativa do pico dos aldeídos identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.

Classe	COVs	IR	(%)*		
			SC1	SC2	SC3
Aldeídos	Benzenoacetaldeído	1028	0.628	0.352	0.113
	Nonanal	1062	0.316	0.278	0
	3 -Metilbutanal	nd	0.489	0.463	0

*Determinação baseada na porcentagem de cada componente relativo à área total do pico.

COVs - Compostos Organicos Volateis.

IR - Índice de Retenção.

nd = IR menor do que a classificação do hidrocarboneto avaliado.

Um total de nove compostos identificados como cetonas foram observados nas amostras (Tabela 6). A presença mais abundante de compostos se dá a 2-nonanona, 2-undecanona, 2-heptanona, 8-nonen-2-ona e 3-hidroxi-2-butanona (acetoína), podendo ser observados em todas as amostras com uma área relativa significativa. Quantidades consideráveis de metilcetonas são esperadas, uma vez que as mesmas são comumente encontradas em queijos, formadas através da oxidação enzimática de ácidos graxos. Alguns estudos realizados com queijos curados, mostraram a detecção de várias cetonas nas amostras, o que corrobora com os achados deste trabalho (HAYALOGLU et al., 2013b; BOLTAR et al., 2015; SUZUKI-IWASHIMA et al., 2020; PENLAND et al., 2021).

Tabela 6 - Porcentagem da área relativa do pico das cetonas identificadas nas amostras SC1, SC2 e SC3.

Classe	COVs	IR	(%)*		
			SC1	SC2	SC3
Cetonas	2 -Heptanona	923	1.531	1.946	0.886
	3-octanona	996	0	0.454	0
	8-Nonan-2-ona	1049	1.466	0.398	0.488
	2 -Nonanona	1054	7.148	3.864	2.837
	2 -Undecanona	1156	2.834	0.269	0.659
	2 -Dodecanona	1157	0	0	0.166
	2 - Tridecanona	1158	0.097	0	0
	2 -Pentanona	nd	0	0.097	0.079
	Acetoína	nd	1.198	0.672	0.061

*Determinação baseada na porcentagem de cada componente relativo à área total do pico.

COVs - Compostos Orgânicos Voláteis.

IR - Índice de Retenção.

nd = IR menor do que a classificação do hidrocarboneto avaliado.

A classe dos ésteres teve bastante destaque entre os compostos identificados com maior número de compostos representativos, vinte e dois ao todo (Tabela 7). A relevância desses compostos para queijos se deve ao seu baixo limiar de percepção e à contribuição de notas frutadas e florais para aroma e sabor (SINGH et al., 2003). Devido às suas características sensoriais, os ésteres contribuem para o desenvolvimento do sabor e aroma em

queijos curados, reduzindo a acidez produzida pelos ácidos graxos e o amargor das aminas (PINHO et al., 2003).

Éster etílico do ácido butanóico (butanoato de etila), éster etílico do ácido decanoico (decanoato de etila), éster etílico do ácido hexanoico (hexanoato de etila) e Delta nonalactona, foram observados em todas as amostras. Autores relatam que ésteres etílicos foram os primeiros ésteres encontrados em queijos curados do tipo Gokceada e Nanos (HAYALOGLU et al., 2013b; BOLTAR et al., 2015). Uma grande variedade de ésteres etílicos é comumente identificada em queijos curados e suas concentrações tendem a aumentar durante o estágio de maturação devido à atividade enzimática das esterases de origem microbiana (HAYALOGLU et al., 2013b).

Tabela 7 - Porcentagem da área relativa do pico dos ésteres identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.

Classe	COVs	IR	(%)*		
			SC1	SC2	SC3
Ésteres	Ácido butanóico, éster etílico (butanoato de etila)	823	2.870	1.149	0.436
	1-Butanol, 3-metil-, acetato	914	0	0.107	0
	Ácido butanóico, éster de propilo (butanoato de propila)	931	0.071	0	0
	Ácido propanoico, 2-metil-, 2- metilpropil éster	963	0	0.051	0.059
	Ácido hexanoico, 2-hidroxi-, éster metílico	969	0	0.176	0
	Ácido hexanoico, éster etílico (hexanoato de etila)	1005	1.718	1.492	1.270
	Ácido propanoico, 2 - metil -, éster pentílico	1036	0.284	0.185	0
	hexanoato de propila	1056	0	0.071	0.040
	Ácido hexanoico, 2-éster metilpropílico	1074	0	0.186	0.402

Ácido octanóico, éster etílico (octanoato de etila)	1105	0	0	8.993
hexanoato de isopentil	1135	0	0.056	0
Ácido acético, 2-éster feniletílico	1138	0.112	0	0
Ácido butanóico, 1 - éster etenilhexil	1146	0.073	0	0
Delta – Nonalactona	1155	0.219	0.153	0.103
Ácido octanóico, éster butílico (octanoato de butilo)	1175	0	0	0.253
Ácido decanóico, éster etílico (decanoato de etila)	1213	0.166	0.500	2.060
Delta-Octalactona	1273	0	0.232	0.043
Decanoato de isobutil	1290	0	0	0.140
Ácido dodecanóico, éster etílico (dodecanoato de etila)	1335	0	0.167	0.616
Ácido hexadecanóico, éster etílico (hexadecanoato de etila)	1461	0	0.046	0.111
Ácido tetradecanóico, éster etílico (tetradecanoato de etila)	1467	0	0	0.051
Ácido acético, 1 - éster metilpropílico	nd	0	0.056	0

*Determinação baseada na porcentagem de cada componente relativo à área total do pico.

COVs - Compostos Organicos Volateis.

IR - Índice de Retenção.

nd = IR menor do que a classificação do hidrocarboneto avaliado.

Outros quatro compostos orgânicos também foram observados (Tabela 8), embora não tenham quantidades expressivas quando comparado ao total de compostos identificados nas demais classes já apresentadas, por isso foram agrupados e denominados de diversos. A amostra SC1 apresentou três destes compostos, sendo que a metoxifeniloxima foi encontrando

em maior porcentagem dentre os identificados. O composto 1,7- octadiene foi identificado apenas na amostra SC3. A amostra SC2 não apresentou produção de compostos para essa categoria.

Tabela 8 - Porcentagem da área relativa do pico de COVs diversos identificados nas amostras SC1, SC2 e SC3.

Classe	COVs	IR	(%)*		
			SC1	SC2	SC3
Diversos	Metoxifeniloxima	968	7.293	0	0
	3-metilfenol	1047	0.208	0	0
	1,7-octadieno	1147	0	0	0.061
	Delta-Decalactona	1271	0.425	0	0

*Determinação baseada na porcentagem de cada componente relativo à área total do pico.

COVs - Compostos Organicos Volateis.

IR - Índice de Retenção.

nd = IR menor do que a classificação do hidrocarboneto avaliado.

A amostra SC2 mostrou a maior diversidade de COVs produzidos durante os testes, 45 ao total, sendo o ácido hexanoico (38,08%) e o ácido octanóico (16,93%) os compostos mais prevalentes. Foram identificados 41 compostos diferentes na amostra SC3, dentre eles o ácido decanóico (24,66%), ácido hexanoico (23,59%) e ácido octanóico (21,50%) foram os predominantes. Já a amostra SC1 foi a que apresentou a menor diversidade produzindo 36 compostos, o ácido hexanoico (15,70%) e o ácido octanóico (15,37%) predominaram nessa amostra. A amostra SC3 apresentou apenas um composto da classe dos aldeídos, o benzeno acetaldeído, isso se deve ao fato de que as amostras dessa queijaria foram obtidas com um prazo de maturação elevada (acima de 60 dias) e provavelmente a maioria dos aldeídos ali presentes já sofreram novas reações químicas liberando seus precursores, como os álcoois e ácidos.

4.3 Perfil dos COVs produzidos por bactérias em queijos maturados.

As espécies de *Lactobacillus* são benéficas para a indústria de alimentos funcionais, como no caso dos queijos. Esse é um dos gêneros mais pesquisados entre as BAL em relação

ao seu potencial probiótico e, de fato, essas espécies são adaptáveis ao trato gastrointestinal humano devido à sua potente resistência ao ácido, bile e enzimas como pepsina e pepsinogênio (KAKELAR, 2019). Nossos estudos identificaram através da metagenômica várias espécies do gênero *Lactobacillus*. *Lactobacillus paraplantarum* teve a maior presença em todas as amostras, outras espécies como, *L. plantarum*, *L. brevis*, *L. paracasei* e *L. delbrueckii* também ocupam uma posição de destaque entre as amostras (anexo1). Alguns estudos associam *Lactobacillus paracasei* como um dos grandes produtores compostos orgânicos diferentes que alteram a percepção sensorial dos queijos maturados, como mostra a Tabela 9 (PENLAND et al., 2021, ANASTASIOU et al., 2022).

Corynebacterium sp. também são outros importantes componentes da microbiota dos queijos. Apesar do nosso trabalho não conseguir associar nenhum dos COVs identificados a esse gênero, eles influenciam no sabor dos queijos por meio das atividades de suas enzimas esterase e lipase e da sua capacidade de produzir compostos de sabor, tais como o metanotiol (BRENNAN et al., 2001a). Esse tipo de COV é responsável por propiciar ao queijo um sabor amargo e um odor intenso, como de café torrado ou caramelo. A elevação do pH na superfície do queijo propicia um melhor desenvolvimento para bactérias corineformes crescerem e suas colônias podem ser do tipo brancas acinzentadas e em menor extensão pigmentados vermelho-alaranjado, o que pode conferir manchas ou pontos vermelhos na superfície dos queijos (McSWEENEY, 2007), um dos pontos relatados pelos produtores locais. Em nossas análises algumas das espécies encontradas para esse gênero foram *Corynebacterium variable*, *C. casei*, *C. glyciniphilum* e *C. flavescens*, entre outras (anexo 1).

Outra bactéria bastante observada nas amostras foi a espécie *Streptococcus thermophilus*, que foi identificada em grandes proporções em todas as amostras, isso se deve ao fato de que são um dos responsáveis pelo desenvolvimento de ácidos durante a maturação do QMA, servindo de cultura starter em diversos locais produtores desse tipo de queijo, e que juntamente com a microbiota secundária, promove uma série complexa de reações bioquímicas que desenvolvem o sabor e a textura ao produto. Porém estudos apontam que *Streptococcus lactis* foi primeiramente implicado como o principal responsável pelo sabor e aroma de maltados de produtos lácteos (SILVA et al., 2020).

As espécies de *Staphylococcus*, embora não seja permitida em grandes quantidades como no caso de *Staphylococcus aureus*, foi identificada em todas as amostras. O destaque fica para a produção de COVs associadas a particularmente duas espécies *Staphylococcus equorum* e *Staphylococcus xylosum*. Essas duas espécies são tratadas na literatura como sendo

associadas a pele humana e de alguns animais, porém foram encontradas em queijos e também são usadas em fermentação de salames (AQUILANTI et al., 2016). *Staphylococcus* em queijos foram associados a sabores fortes, como terroso, caprilíco e mofado (Tabela 9).

O gênero *Lactococcus*, em especial a espécie *L. lactis*, são amplamente encontradas na produção de soro de leite e queijo, o “pingo”. A *L. lactis* é de crucial importância para a fabricação de produtos de laticínios, como os queijos. Ela é adicionada juntamente ao “pingo” e utiliza da lactose presente no meio para a produção de alguns compostos, como o 2 – Nonanone e o ácido acético (ANASTASIOU et al., 2022). As principais atribuições sensoriais desse gênero é um sabor ácido e mofado (Tabela 9).

Outras bactérias encontradas em menor abundância de acordo com o total de espécies diferentes identificadas pela metagenômica e que também tiveram associação com os compostos voláteis produzidos foram dos gêneros: *Enterococcus*, *Leuconostoc*, *Brevibacterium*, *Brachybacterium*, *Arthrobacter*, *Glutamibacter* e *Acetobacter* (Tabela 9). Em estudos alguns desses gêneros foram associados a altas atividades proteolíticas e lipídicas (BONFIN, 2019; PHAM et al., 2019; VAN MASTRIGT et al., 2019; PENLAND et al., 2021, SUTTHIWONG et al., 2021; ANASTASIOU et al., 2022).

Tabela 9 – Sabor e aroma associado aos COVs identificados e a possível microbiota produtora.

Microrganismo	COVs	Flavor
<i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Staphylococcus equorum</i> , <i>Staphylococcus xylosus</i> , <i>Enterococcus</i> sp.	Butanoic acid	Manteiga, butírico, queijo, verde, mofado, oleoso
	Isovaleric acid	Queijo, lúpulo velho, meias velhas, suor
<i>L. paracasei</i> , <i>S. equorum</i> , <i>S. xylosus</i> <i>Enterococcus</i> <i>faecium</i> , <i>Enterococcus</i> <i>faecalis</i>	Pentanoic acid	Meias sujas, parmesão, queijo, suor
<i>L. paracasei</i> , <i>S. equorum</i> ,	Hexanoic acid	Caprilíco, suor, meias sujas, óleo

<i>S. xylosum</i>		vegetal
	Benzeneacetic acid	Mel, doce
<i>Lactobacillus</i> sp.	Nonanoic acid	Gordura, verde
	Decanoic acid	Caprílico, sebo
<i>L. paracasei</i> , <i>E. faecalis</i>	Octanoic acid	Caprílico, oleoso
	Dodecanoic acid	caprílico, sabão, sebo
<i>Lactobacillus</i> sp., <i>Leuconostoc</i> <i>mesenteroides</i> , <i>Staphylococcus</i> sp., <i>Lactococcus lactis</i>	Acetic acid	Acético, ácido, vinagre
	Propanoic acid	Picante, rançoso, soja
<i>L. plantarum</i> , <i>L. paracasei</i>	Oct-1-en-3-ol	Gordura, frutado, grama, cogumelo, perfume, doce
<i>Lactobacillus</i> sp., <i>Brevibacterium</i> sp., <i>Brachybacterium</i> sp., <i>Arthrobacter</i> sp., <i>Glutamicibacter</i> <i>arilaitensis</i>	2-Heptanol	Amoras, melão, cogumelo
<i>L. paracasei</i> , <i>S. equorum</i> , <i>S. xylosum</i> , <i>E. faecium</i> , <i>E.</i> <i>Faecalis</i>	2-Nonanol	Coco
	2-Pentanol	Alcoólico, frutado, noz, framboesa
<i>Glutamicibacter</i> <i>arilaitensis</i> , <i>Brevibacterium</i> <i>linens</i> , <i>S. xylosum</i> , <i>Streptococcus lactis</i>	3-Methyl-1-butanol	Uísque, malte, queimado
	Benzeneethanol	Perfume, Rosa

	Benzeneacetaldehyde	Mel, doce
<i>L. paracasei</i> , <i>Lactobacillus</i> sp., <i>S. equorum</i> , <i>Enterococcus</i> sp.	Nonanal	Aldeído, cítrico, gordura, floral, verde, sabão, levemente pungente, sebo, cera
<i>L. brevis</i> , <i>S. epidermidis</i> , <i>S. Lactis</i>	3 –Methylbutanal	Maçã, queimado, caramelo, queijo, cereja, cacau, malte, verde
<i>L. paracasei</i> , <i>Lactobacillus</i> sp., <i>E. faecalis</i> , <i>S. equorum</i> , <i>S. Xylosus</i>	2 –Heptanone	Queijo azul, frutado, mofado, pera, sabão
<i>L. plantarum</i> , <i>L. paracasei</i> , <i>Brachybacterium</i> sp., <i>Arthrobacter</i> sp., <i>E. faecalis</i> , <i>E. casseliflavus</i> , <i>S. equorum</i> , <i>Glutamibacter</i> sp.	3-Octanone	Terroso, cogumelo, resina
<i>L. paracasei</i> , <i>Acetobacter</i> sp, <i>Lactococcus</i> sp, <i>Bacillus</i> sp., <i>S. equorum</i> , <i>S. xylosus</i> , <i>E. hirae</i>	2 –Nonanone	Queijo azul, gordura, frutado, verde, cetona, mofado, verniz
<i>L. paracasei</i>	2 –Undecanone	Floral, frutado, verde, cetona, mofado, rosa, sebo, poeira
<i>L. paracasei</i>	2 –Dodecanone	Frutado, mofado
	2 –Tridecanone	Frutado, verde, rançoso, sebo
<i>L. paracasei</i>	2 –Pentanone	Acetona, frutado, doce, cetona
	Acetoin	Manteiga, creme
<i>L. paracasei</i> , <i>Lactobacillus</i> sp., <i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Butanoic acid, ethyl ester (Ethyl butanoate)	Maçã, manteiga, frutado, papaia, perfume, doce
	1 -Butanol, 3 -methyl -, acetate	Banana, éster, solvente, doce

<i>L. mesenteroides</i>	Propanoic acid, 2 - methyl -, 2 - methylpropyl ester	Frutado
<i>L. paracasei, Lactobacillus sp. E. faecalis</i>	Hexanoic acid, ethyl ester (Ethyl hexanoate)	Anis, maçã, frutado, verde, doce, fruta não amadurecida
	Propyl hexanoate	Frutado
<i>Lactobacillus sp.</i>	Octanoic acid, ethyl ester (Ethyl octanoate)	Maça, frutado, doce
	Isopentyl hexanoate	Caprílico, frutado, perfumado, solvente
	Octanoic acid, butyl ester (Butyl octanoate)	Frutado
	Decanoic acid, ethyl ester (Ethyl decanoate)	Maça, caprílico, frutado, solvente
	Delta –Octalactone	Lactona, doce
	Dodecanoic acid, ethyl ester (Ethyl dodecanoate)	Caprílico, éster
	Tetradecanoic acid, ethyl ester (Ethyl tetradecanoate)	Caprílico, óleo vegetal
<i>Lactobacillus sp.</i>	Acetic acid, 1 - methylpropyl ester	Frutado
	3-methylphenol	Seco, couro, fenólico, alcatrão
	Delta-Decalactone	Coco

5 CONCLUSÃO

As amostras de queijos estudadas mostraram uma ampla diversidade da ecologia bacteriana encontrada nos queijos produzidos na região da Serra da Canastra, mudando sua comunidade de uma fazenda para a outra. As amostras em geral apresentaram gêneros de bactérias benéficas a saúde do consumidor, com exceção da amostra SC1-R2 que apresentou

um excesso de bactérias patógenas nocivas a saúde do hospedeiro. A maturação do queijo permite que o *terroir* bacteriano dos queijos se modifique ao longo do processo, ocorrendo reações químicas nas quais contribuem para o sabor e aroma do produto final. O sequenciamento metagênomico *shotgun* tem se mostrado como uma das melhores ferramentas atuais para se caracterizar de forma mais detalhada todos os microrganismos presentes em um produto, pois fornecem informações genômicas essencialmente completas para os principais gêneros e/ou espécies revelando se o produto possui qualidade e segurança para o consumo.

DECLARAÇÃO DE CONFLITOS DE INTERESSES

Os autores declaram que não possuem conflitos de interesses financeiros ou relações pessoais que possam ter influenciado o trabalho relatado neste projeto.

REFERÊNCIAS

- AIT CHAIT, Y., GUNENC, A., HOSSEINIAN, F. and BENDALI, F. **Antipathogenic and probiotic potential of *Lactobacillus brevis* strains newly isolated from Algerian artisanal cheeses.** *Folia Microbiologica*, 66(3), 429-440, 2021.
- ALMEIDA, A., MITCHELL, A. L., BOLAND, M., FORSTER, S. C., GLOOR, G. B., TARKOWSKA, A., LAWLEY, T. D. and FINN, R. D. **A new genomic blueprint of the human gut microbiota.** *Nature*, 568(7753), 499-504, 2019.
- AMINIFAR, M., HAMED, M., EMAM-DJOMEH, Z. and MEHDINIA, A. **Investigation on proteolysis and formation of volatile compounds of Lighvan cheese during ripening.** *Journal of food science and technology*, 51(10), 2454-2462, 2014.
- ANASTASIOU, R., KAZOU, M., GEORGALAKI, M., AKTYPIS, A., ZOUMPOPOULOU, G. and TSAKALIDOU, E. **Omics Approaches to Assess Flavor Development in Cheese.** *Foods*, 11(2), 188, 2022.
- ANDRADE, R. P., MELO, C. N., GENISHEVA, Z., SCHWAN, R. F., and DUARTE, W. F. **Yeasts from Canastra cheese production process: Isolation and evaluation of their potential for cheese whey fermentation.** *Food Research International*, 91, 72-79, 2017.
- AQUILANTI, L., GAROFALO, C., OSIMANI, A. and CLEMENTI, F. **Ecology of lactic acid bacteria and coagulase negative cocci in fermented dry sausages manufactured in Italy and other Mediterranean countries: an overview.** *International Food Research Journal*, 23(2), 2016.
- BOLTAR, I., MAJHENIČ, A. Č., JARNI, K., JUG, T. and KRALJ, M. B. **Volatile compounds in Nanos cheese: their formation during ripening and seasonal variation.** *Journal of Food Science and Technology*, 52(1), 608-623, 2015.
- BONFIM, R. M. **Estudo da proteólise de queijo maturado por *Enterococcus faecium*** (Bachelor's thesis, Universidade Tecnológica Federal do Paraná), 2019.
- BONTINIS, T. G., MALLATOU, H., PAPPA, E. C., MASSOURAS, T. and ALICHANIDIS, E. **Study of proteolysis, lipolysis and volatile profile of a traditional Greek goat cheese (*Xinotyri*) during ripening.** *Small Ruminant Research*, 105(1-3), 193-201, 2012.
- BORELLI, B. M. **Caracterização das bactérias lácticas, leveduras e das populações de *Staphylococcus enterotoxigênicos* durante a fabricação do queijo Minas curado produzido na Serra da Canastra-MG.** 120f. Diss. Tese (Doutorado em Microbiologia)-Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2006.
- BORELLI, B. M., FERREIRA, E. G., LACERDA, I. C. A., FRANCO, G. R. and ROSA, C. A. **Yeast populations associated with the artisanal cheese produced in the region of Serra da Canastra, Brazil.** *World J. Microbiol. Biotechnol.* 22, 1115–1119, 2006.

BUDAK, S. O., FIGGE, M. J., HOUBRAKEN, J. and DE VRIES, R. P. **The diversity and evolution of microbiota in traditional Turkish Divle Cave cheese during ripening.** International Dairy Journal, v. 58, p. 50-53, 2016.

BURTON, J. P., CHANYI, R. M. and SCHULTZ, M. **Common organisms and probiotics: *Streptococcus thermophilus* (*Streptococcus salivarius* subsp. *thermophilus*).** In The microbiota in gastrointestinal pathophysiology (pp. 165-169), 2017.

CALLON, C., DUTHOIT, F., DELBÈS, C., FERRAND, M., LE FRILEUX, Y., DE CRÉMOUX, R. and MONTEL, M. C. **Stability of microbial communities in goat milk during a lactation year: molecular approaches.** Systematic and applied microbiology, v. 30, n. 7, p. 547-560, 2007.

CARO, I., QUINTO, E. J., FUENTES, L., ALESSANDRIA, V., COCOLIN, L. S., REDONDO-DEL-RÍO, M. P., MAYO, B., FLÓREZ, A. B. and MATEO, J. **Characterization of *Lactococcus* strains isolated from artisanal Oaxaca cheese.** LWT, 122, 109041, 2020.

CASTELLANOS-ROZO, J., PÉREZ PULIDO, R., GRANDE, M., LUCAS, R. and GÁLVEZ, A. **Analysis of the bacterial diversity of Paipa cheese (a traditional raw cow's milk cheese from Colombia) by high-throughput sequencing.** Microorganisms, 8(2), 218, 2020.

COCOLIN, L., DIEZ, A., URSO, R., RANTSIOU, K., COMI, G., BERGMAIER, I. and BEIMFOHR, C. **Optimization of conditions for profiling bacterial populations in food by culture-independent methods.** International Journal of Food Microbiology, 120(1-2), 100-109, 2007.

COLLINS, Y. F., MCSWEENEY, P. L. and WILKINSON, M. G. **Lipolysis and free fatty acid catabolism in cheese: a review of current knowledge.** International Dairy Journal, 13(11), 841-866, 2003.

COSTA JÚNIOR, L. C. G.; MORENO, V. J.; MAGALHÃES, F. A. R.; COSTA, R. G. B.; RESENDE, E. C.; CARVALHO, K. B. A. **Maturação do queijo Minas artesanal da microrregião Campo das Vertentes e os efeitos dos períodos seco e chuvoso.** Rev. Inst. de Laticínios Cândido Tostes, v.69, n.2, p.111-120, 2014.

DAVENPORT, C. F. and TUMMLER, B. **Advances in computational analysis of metagenome sequences.** Environmental Microbiology, v. 15, n. 1, p. 1-5, 2013.

DEMOSSIER, M. **Beyond *terroir*: territorial construction, hegemonic discourses, and French wine culture.** Journal of the Royal Anthropological Institute, 17(4), 685-705. 2011.

DIAS, B. and WEIMER, B. **Purification and Characterization of α -Methionine γ -Lyase from *Brevibacterium linens* BL2.** Applied and Environmental Microbiology, 64(9), 3327-3331, 1998.

DORES, M. T. and FERREIRA, C. L. L. F. **Queijo Minas artesanal, tradição centenária: Ameaças e desafios.** Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável (RBAS), v.2, n.2, p.26-34, 2012.

DOUGLAS, C. A., IVEY, K. L., PAPANICOLAS, L. E., BEST, K. P., MUHLHAUSLER, B. S. and ROGERS, G. B. **DNA extraction approaches substantially influence the assessment of the human breast milk microbiome.** Scientific reports, 10(1), 1-10, 2020.

EMATER. **Programa Queijo Minas Artesanal**

<https://www.emater.mg.gov.br/portal.do?flagweb=site_tpl_queijo&id=3301> Acesso em 13 de jan. 2022.

FADDA, M. E. et al. **In vitro screening of Kluyveromyces strains isolated from Fiore Sardo cheese for potential use as probiotics.** LWT-Food Science and Technology, v. 75, p. 100106, 2017.

FELDER, D., BURNS, D. and CHANG, D. **Defining microbial terroir: The use of native fungi for the study of traditional fermentative processes.** International Journal of Gastronomy and Food Science, 1(1), 64-69, 2012.

FOSTER, R. A. and ZEHR, J. P. **Characterization of diatom–cyanobacteria symbioses on the basis of *nifH*, *hetR* and 16S rRNA sequences.** Environmental Microbiology, 8(11), 1913-1925, 2006.

FOX, P. F., GUINEE, T. P., COGAN, T. M. and MCSWEENEY, P. L. **Biochemistry of cheese ripening.** In Fundamentals of cheese science (pp. 391-442). Springer, Boston, MA, 2017.

FRÉTIN, M., MARTIN, B., RIFA, E., ISABELLE V. M., POMIÈS D., FERLAY A., MONTEL M. C. and DELBÈS C. **Bacterial community assembly from cow teat skin to ripened cheeses is influenced by grazing systems.** Sci Rep 8, 200, 2018.

GALÁN, E., CABEZAS, L. and FERNÁNDEZ-SALGUERO, J. **Proteolysis, microbiology and sensory properties of ewes' milk cheese produced with plant coagulant from cardoon *Cynara cardunculus*, calf rennet or a mixture thereof.** International Dairy Journal, v. 25, n. 2, p. 92-96, 2012.

GARRIDO-CARDENAS, J. A. and MANZANO-AGUGLIARO, F. **The metagenomics worldwide research.** Current Genetics, v. 63, n. 5, p. 819–829, 2017.

GIANNINO, M.L., MARZOTTO, M., DELLAGLIO, F. and FELIGNI, M. **Study of microbial diversity in raw milk and fresh curd Fontina cheese production by culture-independent methods.** Int. J. Food Microbiol. 130, 188–195, 2009.

GOBBETTI, M., NEVIANI, E. and FOX, P. **The cheeses of Italy: Science and technology.** Springer, 2018.

HANDELSMAN, J. **Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms.** Microbiology and molecular biology reviews, 68(4), 669-685, 2004.

- HAYALOGLU, A. A., YASAR, K., TOLU, C. and SAHINGIL, D. **Characterizing volatile compounds and proteolysis in Gokceada artisanal goat cheese.** *Small Ruminant Research*, 113(1), 187-194, 2013a.
- HAYALOGLU, A. A., TOLU, C., YASAR, K. and SAHINGIL, D. **Volatiles and sensory evaluation of goat milk cheese Gokceada as affected by goat breeds (Gokceada and Turkish Saanen) and starter culture systems during ripening.** *Journal of Dairy Science*, 96(5), 2765-2780, 2013b.
- HYMERY, N., VASSEUR, V., COTON, M., MOUNIER, J., JANY, J. L., BARBIER, G. and COTON, E. **Filamentous fungi and mycotoxins in cheese: a review.** *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, v. 13, n. 4, p. 437-456, 2014.
- INSTITUTO MINEIRO DE AGROPECUÁRIA. **Lista produtores cadastrados no programa do Queijo Minas Artesanal.** [s.l:s.n.], 2022. Disponível em: <<http://ima.mg.gov.br/agroindustria/queijos-artesanais>>. Acesso em: 13 de jan. 2022.
- IPHAN - Instituto do Patrimônio Histórico e Artístico Nacional. **Parque Nacional da Serra da Canastra (MG). 2019.** Disponível em: <<http://portal.iphan.gov.br/pagina/detalhes/868>>. Acesso em: 14 jan. 2022.
- IPHAN - Instituto do Patrimônio Histórico e Artístico Nacional. **Registro dos Queijos Artesanais de Minas, a ser inscrito no Livro dos Saberes. 2008.** Disponível em: <<http://portal.iphan.gov.br/>>. Acesso em: 14 fev. 2022.
- KAKELAR, H. M., BARZEGARI, A., HANIFIAN, S., BARAR, J., and OMIDI, Y. **Isolation and molecular identification of Lactobacillus with probiotic potential from abomasums driven rennet.** *Food chemistry*, 272, 709-714, 2019.
- LAVASANI, S. A. R. EHSANI, M. R.; MIRDAMADI, S. and EBRAHIM, M. A. Z. M. **Changes in physicochemical and organoleptic properties of traditional Iranian cheese Lighvan during ripening.** *International journal of dairy technology*, v. 65, n. 1, p. 64-70, 2012.
- LAVOIE, K., TOUCHETTE, M., ST-GELAIS, D. and LABRIE, S. **Characterization of the fungal microflora in raw milk and specialty cheeses of the province of Quebec.** *Dairy science & technology*, 92(5), 455-468, 2012.
- LE MOS, P. C., SERAFIM, L. S. and REIS, M. A. **Synthesis of polyhydroxyalkanoates from different short-chain fatty acids by mixed cultures submitted to aerobic dynamic feeding.** *Journal of biotechnology*, 122(2), 226-238, 2006.
- LIMA, C. D. L. C., LIMA, L. A., CERQUEIRA, M. M. O. P., FERREIRA, E. G. and ROSA, C. A. **Bactérias do ácido láctico e leveduras associadas com o queijo-de-minas artesanal produzido na região da Serra do Salitre, Minas Gerais.** *Arquivo brasileiro de medicina veterinária e zootecnia*, 61, 266-272, 2009.

MADIGAN, M. T., MARTINKO, J. M. and PARKER, J. **Brock biology of microorganisms**. Upper Saddle River, NJ: Pearson Prentice Hall, v. 11, p. 136, 2006.

MAPA, **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Decreto nº 13.860, de 18 de março de 2019. <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/producao-animal/selo-arte/publicacoes/SELOARTEv2.pdf/view> Acesso em: 13 de jan. 2022

MARTINS, J. M.; LIMA, L. A.; CERQUEIRA, M. M. O. P.; FERREIRA, E. G.; ROSA, C. A. **Determining the minimum ripening time of artisanal Minas cheese, a traditional Brazilian cheese**. Brazilian Journal of Microbiology, [s. l.], v. 46, n. 1, p. 219– 230, 2015.

MARTIN, B., COPPA, M., VERDIER METZ, I., MONTEL, M. C., JOY TORRENS, M., CASASÚS PUEYO, I., and BLANCO ALIBÉS, M. **The contribution of mountain pastures to the link to *terroir* in dairy and meat products**. Options Méditerranéennes, A no. 116, 2016.

McHUGH, A. J., FEEHILY, C., FENELON, M. A., GLEESON, D., HILL, C. and COTTER, P. D. **Tracking the dairy microbiota from farm bulk tank to skimmed milk powder**. *Msystems*, 5(2), e00226-20, 2020.

McSWEENEY, P. L. and SOUSA, M. J. **Biochemical pathways for the production of flavour compounds in cheeses during ripening: A review**. *Le Lait*, 80(3), 293-324, 2000.

MEDINA-CÓRDOVA, N., ROSALES-MENDOZA, S., HERNÁNDEZ-MONTIEL, L. G. and ANGULO, C. **The potential use of *Debaryomyces hansenii* for the biological control of pathogenic fungi in food**. *Biological Control*, 121, 216-222, 2018.

MENDE, S., ROHM, H. and JAROS, D. **Influence of exopolysaccharides on the structure, texture, stability and sensory properties of yoghurt and related products**. *International Dairy Journal*, 52, 57-71, 2016.

MEUCCI, A., ROSSETTI, L., ZAGO, M., MONTI, L., GIRAFFA, G., CARMINATI, D. and TIDONA, F. **Folates biosynthesis by *Streptococcus thermophilus* during growth in milk**. *Food microbiology*, 69, 116-122, 2018.

MINAS GERAIS. **Assembleia Legislativa do Estado de Minas Gerais. Lei nº 14185 de 31 de janeiro de 2002**. Processo de Produção do Queijo Minas Artesanal. Diário do Executivo, Belo Horizonte, 01 de fevereiro de 2002.

MLADENOVIC, K. G., MURUZOVIC, M. Ž., ŽUGIĆ PETROVIĆ, T., STEFANOVIĆ, O. D. and ČOMIĆ, L. R. **Isolation and identification of *Enterobacteriaceae* from traditional Serbian cheese and their physiological characteristics**. *Journal of Food Safety*, 38(1), e12387, 2018.

MONTEL, M. C., BUCHIN, S., MALLET, A., DELBES-PAUS, C., VUITTON, D. A., DESMASURES, N. and BERTHIER, F. **Traditional cheeses: rich and diverse microbiota with associated benefits**. *International journal of food microbiology*, 177, 136-154, 2014.

Moreira, C. P. M. (2011). **Desenvolvimento de metodologias analíticas para queijos. Estudo de caso: queijos da Beira Interior** (Doctoral dissertation, Universidade Tecnica de Lisboa (Portugal)).

MOREIRA, N., MEIRELES, S., BRANDÃO, T. and DE PINHO, P. G. **Optimization of the HS-SPME–GC–IT/MS method using a central composite design for volatile carbonyl compounds determination in beers.** *Talanta*, 117, 523-531, 2013.

NÓBREGA, J. E. **Caracterização do fermento endógeno utilizado na fabricação do queijo Canastra no município de Medeiros, Minas Gerais, com ênfase em leveduras,** 2007.

NÓBREGA, J. E. et al. **Diferenças sazonais do fermento endógeno utilizado na fabricação do queijo Minas artesanal, fabricado na Serra da Canastra, Minas Gerais.** *Revista do Instituto de Laticínios Cândido Tostes*, v.63, n.363, p.26-30, 2008.

OLINDA, R. G., FEIJÓ, F. M. C., BATISTA, J. S. and LIMA, J. T. A. X. D. **Isolamento de *Alcaligenes faecalis* em peixe *Betta splendens* Regan, 1910 no Brasil.** *Arquivos do Instituto Biológico*, 81, 360-362, 2014.

OULAS, A., PAVLOUDI, C., POLYMENAKOU, P., PAVLOPOULOS, G. A., PAPANIKOLAOU, N., KOTOULAS, G., ARVANITIDIS, C. and ILIOPOULOS, I. **Metagenomics: Tools and insights for analyzing next-generation sequencing data derived from biodiversity studies.** *Bioinformatics and Biology Insights*, v. 9, p. 75–88, 2015.

PAGTHINATHAN, M. and NAFEES, M. S. M. **Biochemistry of cheese ripening.** *AGRIEAST Journal of Agricultural Sciences*, [Pakistan], v. 10, p. 16–26, Jan. 2015.

PANDEY, K., NAIK, S. and VAKIL, B. **Probiotics, prebiotics and synbiotics-a review.** *Journal of food science and technology*, 52(12), 7577-7587, 2015.

PENLAND, M., FALENTIN, H., PARAYRE, S., PAWTOWSKI, A., MAILLARD, M.B., THIERRY, A., MOUNIER, J., COTON, M., DEUTSCH, S.M. **Linking Pélardon artisanal goat cheese microbial communities to aroma compounds during cheese making and ripening.** *Int. J. Food Microbiol.* 345, 2021.

PERIN, L. M., DAL BELLO, B., BELVISO, S., ZEPPA, G., DE CARVALHO, A. F., COCOLIN, L. and NERO, L. A. **Microbiota of Minas cheese as influenced by the nisin producer *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* GLc05.** *International Journal of Food Microbiology*, 214, 159-167, 2015.

PERIN, L. M., SARDARO, M. L. S., NERO, L. A., NEVIANI, E., and GATTI, M. **Bacterial ecology of artisanal Minas cheeses assessed by culture-dependent and-independent methods.** *Food microbiology*, 65, 160-169, 2017.

PHAM, N. P., LANDAUD, S., LIEBEN, P., BONNARME, P., and MONNET, C. **Transcription profiling reveals cooperative metabolic interactions in a microbial cheese-**

ripening community composed of *Debaryomyces hansenii*, *Brevibacterium aurantiacum*, and *Hafnia alvei*. *Frontiers in microbiology*, 10, 1901, 2019.

PICON, A., GARDE, S., ÁVILA, M. and NUÑEZ, M. **Microbiota dynamics and lactic acid bacteria biodiversity in raw goat milk cheeses.** *International Dairy Journal*, 58, 14-22, 2016.

PINHO, O., PÉRÈS, C. and FERREIRA, I. M. P. L. V. O. **Solid-phase microextraction of volatile compounds in “Terrincho” ewe cheese: comparison of different fibers.** *Journal of Chromatography A*, 1011(1-2), 1-9, 2003.

RAFAEL, V. D. C. **Fenótipos da microbiota predominante do fermento Endógeno (pingo) relevantes para as características e Segurança microbiológica do queijo minas artesanal da Serra da canastra.** Tese de Doutorado apresentada na Universidade Federal de Viçosa, 2017.

RODRÍGUEZ-SERRANO, G. M., GARCIA-GARIBAY, J. M., CRUZ-GUERRERO, A. E., DEL CARMEN GOMEZ-RUIZ, L., AYALA-NINO, A., CASTANEDA-OVANDO, A. and GONZALEZ-OLIVARES, L. G. **Proteolytic system of *Streptococcus thermophilus*,** 1581-1588, 2018.

SANTOS, K. M., BOMFIM, M. A., VIEIRA, A. D., BENEVIDES, S. D., SAAD, S. M., BURITI, F. C. and EGITO, A. S. **Probiotic caprine Coalho cheese naturally enriched in conjugated linoleic acid as a vehicle for *Lactobacillus acidophilus* and beneficial fatty acids.** *International Dairy Journal*, 24(2), 107-112, 2012.

SHANI, N., ISOLINI, D., MARZOHL, D. and BERTHOUD, H. **Evaluation of a new culture medium for the enumeration and isolation of *Streptococcus salivarius* subsp. *thermophilus* from cheese.** *Food Microbiology*, 95, 103672, 2021.

SILVA, J. G. et al. **Características físico-químicas do queijo Minas artesanal da Canastra.** *Revista do Instituto de Laticínios Cândido Tostes*, v.66, n.380, p.16-22, 2011.

SILVA, L. F., SUNAKOZAWA, T. N., AMARAL, D. M. F., CASELLA, T., NOGUEIRA, M. C. L., LINDNER, J. D. D., BOTTARI B., GATTI M. and PENNA, A. L. B. **Safety and technological application of autochthonous *Streptococcus thermophilus* cultures in the buffalo Mozzarella cheese.** *Food microbiology*, 87, 103383, 2020.

SILVA, S. P., RIBEIRO, S. C., TEIXEIRA, J. A. and SILVA, C. C. **Application of an alginate-based edible coating with bacteriocin-producing *Lactococcus* strains in fresh cheese preservation.** *LWT*, 153, 112486, 2022.

SILVETTI, T., CAPRA, E., MORANDI, S., CREMONESI, P., DECIMO, M., GAVAZZI, F., GIANNICO, R., DE NONI, I. and BRASCA, M. **Microbial population profile during ripening of Protected Designation of Origin (PDO) Silter cheese, produced with and without autochthonous starter culture.** *LWT*, 84, 821-831, 2017.

- SINGH, T. K., DRAKE, M. A. and CADWALLADER, K. R. **Flavor of Cheddar cheese: A chemical and sensory perspective.** *Comprehensive reviews in food science and food safety*, 2(4), 166-189, 2003.
- SMIT, G., SMIT, B. A. and ENGELS, W.J. **Flavour formation by lactic acid bacteria and biochemical flavour profiling of cheese products.** *FEMS Microbiology Reviews*, 29 (3), 591-610, 2005.
- SOUZA, A. B., JÚNIOR, L. C. G. C., PERRONE, Í. T., STEPHANI, R. and DE FREITAS ALMEIDA, D. **Parâmetros de textura em queijos processados: Influência da utilização de concentrados proteicos de leite e de soro.** *Revista do Instituto de Laticínios Cândido Tostes*, 69(3), 181-192, 2014.
- ŠURANSKÁ, H., RASPOR, P., UROIĆ, K., GOLIĆ, N., KOS, B., MIHAJLOVIĆ, S., BEGOVIĆ, J., ŠUŠKOVIĆ, J., TOPISIROVIĆ, L. and ČADEŽ, N. **Characterisation of the yeast and mould biota in traditional white pickled cheeses by culture-dependent and independent molecular techniques.** *Folia microbiologica*, v. 61, n. 6, p. 455-463. 2016.
- SUTTHIWONG, N., SUKDEE, P., LEKHAVAT, S., and DUFOSSÉ, L. **Identification of Red Pigments Produced by Cheese-Ripening Bacterial Strains of *Glutamicibacter arilaitensis* Using HPLC.** *Dairy*, 2(3), 396-410, 2021.
- SUZUKI-IWASHIMA, A., MATSUURA, H., IWASAWA, A. and SHIOTA, M. **Metabolomics analyses of the combined effects of lactic acid bacteria and *Penicillium camemberti* on the generation of volatile compounds in model mold-surface-ripened cheeses.** *Journal of bioscience and bioengineering*, 129(3), 333-347, 2020.
- TEIL, G. **No such thing as *terroir*? Objectivities and the regimes of existence of objects.** *Science, Technology, & Human Values*, 37(5), 478-505. 2012.
- TEIXEIRA, C. G., RODRIGUES, R. D. S., YAMATOOGI, R. S., LUCAU-DANILA, A., DRIDER, D., NERO, L. A. and CARVALHO, A. F. **Genomic Analyses of *Weissella cibaria* W25, a Potential Bacteriocin-Producing Strain Isolated from Pasture in Campos das Vertentes, Minas Gerais, Brazil.** *Microorganisms*, 10(2), 314, 2022.
- TODESCATTO, C. **Obtenção de fermento láctico endógeno para produção de queijo típico da mesorregião sudoeste do Paraná.** Dissertação de Mestrado. Universidade Tecnológica Federal do Paraná, 2014.
- TURBES, G. LINS COTT, T. D., TOMASINO, E., WAITE-CUSIC, J., LIM, J., and MEUNIER-GODDIK, L. **Evidence of *terroir* in milk sourcing and its influence on Cheddar cheese.** *Journal of Dairy Science*, [Champaign], v. 99, n. 7, p. 5093-5103, 2016.
- TURGAY, M., BACHMANN, H. P., IRMLER, S., VON AH, U., HLIICH-WYDER, M. T. F., FALENTIN, H., DEUTSCH S. M., JAN G. and THIERRY, A. ***Propionibacterium* spp. and *Acidipropionibacterium* spp.** Reference Module in Food Science, Elsevier, 2020.
- VALENTE, G. L. C., ACURCIO, L. B., FREITAS, L. P. V., NICOLI, J. R., SILVA, A. M., SOUZA, M. R. and PENNA, C. F. A. M. **In vitro and in vivo probiotic potential of**

***Lactobacillus plantarum* B7 and *Lactobacillus rhamnosus* D1 isolated from Minas artisanal cheese.** Journal of dairy science, 102(7), 5957-5961, 2019.

VAN MASTRIGT, O., EGAS, R. A., ABEE, T., & SMID, E. J. **Aroma formation in retentostat co-cultures of *Lactococcus lactis* and *Leuconostoc mesenteroides*.** Food microbiology, 82, 151-159, 2019.

VOIGT, D. D., CHEVALIER, F., QIAN, M. C. and KELLY, A. L. **Effect of high-pressure treatment on microbiology, proteolysis, lipolysis and levels of flavour compounds in mature blue-veined cheese.** Innovative Food Science & Emerging Technologies, 11(1), 68-77, 2010.

WOOD, D. E., LU, J. and LANGMEAD, B. **Improved metagenomic analysis with Kraken 2.** Genome biology, 20(1), 1-13, 2019.

YOON, S. S., KIM, E. K. and LEE, W. J. **Functional genomic and metagenomic approaches to understanding gut microbiota–animal mutualism.** Current opinion in microbiology, 24, 38-46, 2015.

ANEXO 1

Microbiota *Terroir* de QMA da Serra da Canastra avaliada por Metagenômica Shotgun

Microrganismo	Amostra	Sequências
<i>Achromobacter</i> sp.	SC1-R1	1
<i>Acidipropionibacterium</i>	SC1-R1	4
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC1-R1	79
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC1-R1	1
<i>Acidipropionibacterium jensenii</i>	SC1-R1	2
<i>Acidovorax ebreus</i>	SC1-R1	1
<i>Actinoalloteichus</i> sp.	SC1-R1	46
<i>Actinobaculum</i> sp.	SC1-R1	1
<i>Actinomadura amylolytica</i>	SC1-R1	2
<i>Actinomadura</i> sp.	SC1-R1	1
<i>Actinomyces</i>	SC1-R1	1
<i>Actinoplanes missouriensis</i>	SC1-R1	2
<i>Actinosynnema</i>	SC1-R1	1
<i>Advenella mimigardefordensis</i>	SC1-R1	2
<i>Aerococcus urinaehominis</i>	SC1-R1	1
<i>Aerococcus viridans</i>	SC1-R1	1

<i>Aeromicrobium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Aeromicrobium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Agrococcus carbonis</i>	SC1-R1	1
<i>Agromyces</i>	SC1-R1	1
<i>Alcaligenes faecalis</i>	SC1-R1	10
<i>Alcanivorax sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Allochromatium vinosum</i>	SC1-R1	2
<i>Arthrobacter crystallopoietes</i>	SC1-R1	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC1-R1	3
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Auraticoccus monumenti</i>	SC1-R1	1
<i>Aureimonas sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Bacillus cereus</i>	SC1-R1	23
<i>Bacillus cereus</i>	SC1-R1	1
<i>Bacillus toyonensis</i>	SC1-R1	1
<i>Bifidobacterium</i>	SC1-R1	5
<i>Bifidobacterium animalis</i>	SC1-R1	1
<i>Bifidobacterium longum</i>	SC1-R1	1
<i>Bifidobacterium pseudolongum</i>	SC1-R1	2
<i>Bifidobacterium thermophilum</i>	SC1-R1	1
<i>Blastococcus saxosidens</i>	SC1-R1	1
<i>Bordetella trematum</i>	SC1-R1	1
<i>Brachybacterium</i>	SC1-R1	6
<i>Brachybacterium faecium</i>	SC1-R1	9
<i>Brachybacterium ginsengisoli</i>	SC1-R1	4
<i>Brachybacterium saurashtrense</i>	SC1-R1	3
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC1-R1	4
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC1-R1	3
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Brevibacterium</i>	SC1-R1	34

<i>Brevibacterium aurantiacum</i>	SC1-R1	80
<i>Brevibacterium linens</i>	SC1-R1	152
<i>Brevibacterium sandarakinum</i>	SC1-R1	7
<i>Brevibacterium siliguriense</i>	SC1-R1	11
<i>Brevibacterium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Burkholderia</i>	SC1-R1	1
<i>Burkholderia lata</i>	SC1-R1	1
<i>Candidatus Bipolaricaulis</i>	SC1-R1	1
<i>Carnobacterium</i>	SC1-R1	1
<i>Cellulosimicrobium cellulans</i>	SC1-R1	1
<i>Citricoccus</i>	SC1-R1	1
<i>Clavibacter michiganensis</i>	SC1-R1	2
<i>Collinsella aerofaciens</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium</i>	SC1-R1	768
<i>Corynebacterium ammoniagenes</i>	SC1-R1	2
<i>Corynebacterium atypicum</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium camporealensis</i>	SC1-R1	2
<i>Corynebacterium casei</i>	SC1-R1	1285
<i>Corynebacterium cystitidis</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium doosanense</i>	SC1-R1	3
<i>Corynebacterium efficiens</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium falsenii</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium flavescens</i>	SC1-R1	51
<i>Corynebacterium frankenforstense</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium glaucum</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium glyciniphilum</i>	SC1-R1	29
<i>Corynebacterium halotolerans</i>	SC1-R1	4
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	SC1-R1	5
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	SC1-R1	3
<i>Corynebacterium kutscheri</i>	SC1-R1	2

<i>Corynebacterium lactis</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium marinum</i>	SC1-R1	2
<i>Corynebacterium maris</i>	SC1-R1	2
<i>Corynebacterium mustelae</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium provencense</i>	SC1-R1	59
<i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium renale</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium riegelii</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium singulare</i>	SC1-R1	3
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium sphenisci</i>	SC1-R1	2
<i>Corynebacterium stationis</i>	SC1-R1	29
<i>Corynebacterium terpenotabidum</i>	SC1-R1	105
<i>Corynebacterium urealyticum</i>	SC1-R1	3
<i>Corynebacterium uterequi</i>	SC1-R1	1
<i>Corynebacterium variabile</i>	SC1-R1	25383
<i>Corynebacterium vitaeruminis</i>	SC1-R1	13
<i>Corynebacterium xerosis</i>	SC1-R1	2
<i>Cryobacterium sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Cryobacterium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Cupriavidus taiwanensis</i>	SC1-R1	1
<i>Curtobacterium</i>	SC1-R1	1
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Cutibacterium granulosum</i>	SC1-R1	1
<i>Deinococcus ficus</i>	SC1-R1	1
<i>Desulfoglaeba alkanexedens</i>	SC1-R1	1
<i>Dietzia lutea</i>	SC1-R1	1
<i>Dietzia sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Dietzia timorensis</i>	SC1-R1	3
<i>Egibacter rhizosphaerae</i>	SC1-R1	1
<i>Enterobacter</i>	SC1-R1	2

<i>Enterococcus cecorum</i>	SC1-R1	1
<i>Enterococcus faecalis</i>	SC1-R1	2
<i>Enterococcus faecium</i>	SC1-R1	2
<i>Enterococcus gilvus</i>	SC1-R1	1
<i>Enterococcus sp.</i>	SC1-R1	4
<i>Erythrobacter litoralis</i>	SC1-R1	1
<i>Escherichia coli</i>	SC1-R1	1
<i>Flaviflexus salsibiostraticola</i>	SC1-R1	1
<i>Friedmanniella luteola</i>	SC1-R1	1
<i>Frondihabitans sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Glutamicibacter</i>	SC1-R1	2
<i>Glutamicibacter creatinolyticus</i>	SC1-R1	1
<i>Gordonia</i>	SC1-R1	1
<i>Gordonia bronchialis</i>	SC1-R1	3
<i>Gordonia iterans</i>	SC1-R1	1
<i>Gordonia phthalatica</i>	SC1-R1	1
<i>Gordonibacter massiliensis</i>	SC1-R1	16
<i>Gryllotalpicola sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Hahella sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Humibacter sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Hydrogenophaga sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Hydrogenophaga sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Hymenobacter sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Intrasporangium calvum</i>	SC1-R1	1
<i>Isoptericola variabilis</i>	SC1-R1	1
<i>Jeotgalibaca sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Kitasatospora setae</i>	SC1-R1	1
<i>Klebsiella sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Kocuria indica</i>	SC1-R1	1
<i>Kocuria palustris</i>	SC1-R1	1
<i>Kocuria rosea</i>	SC1-R1	3

<i>Kocuria sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Kribbella flavida</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus</i>	SC1-R1	484
<i>Lactobacillus acidipiscis</i>	SC1-R1	2
<i>Lactobacillus alimentarius</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus allii</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus amylophilus</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus backii</i>	SC1-R1	6
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC1-R1	637
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC1-R1	9
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC1-R1	2
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus casei</i>	SC1-R1	12
<i>Lactobacillus casei</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus crustorum</i>	SC1-R1	2
<i>Lactobacillus curvatus</i>	SC1-R1	25
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus farciminis</i>	SC1-R1	6
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC1-R1	3
<i>Lactobacillus gallinarum</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus gasseri</i>	SC1-R1	2
<i>Lactobacillus ginsenosidimutans</i>	SC1-R1	2
<i>Lactobacillus hordei</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus oligofermentans</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC1-R1	7
<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	SC1-R1	4
<i>Lactobacillus paraplanatarum</i>	SC1-R1	1388
<i>Lactobacillus pentosus</i>	SC1-R1	11
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R1	321

<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R1	5
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R1	4
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R1	3
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R1	2
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	SC1-R1	23
<i>Lactobacillus sakei</i>	SC1-R1	1
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Lactococcus</i>	SC1-R1	16
<i>Lactococcus garvieae</i>	SC1-R1	1
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R1	515
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R1	74
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R1	10
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R1	6
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R1	4
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R1	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R1	1
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R1	1
<i>Leptospira santarosai</i>	SC1-R1	4
<i>Leucobacter triazinivorans</i>	SC1-R1	1
<i>Leuconostoc</i>	SC1-R1	2
<i>Leuconostoc gelidum</i>	SC1-R1	1
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC1-R1	12
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC1-R1	1
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	SC1-R1	1
<i>Marinilactibacillus sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Marinitoga</i>	SC1-R1	1
<i>Marmoricola scoriae</i>	SC1-R1	1
<i>Megasphaera elsdenii</i>	SC1-R1	1
<i>Methylobacterium</i>	SC1-R1	1

<i>Microbacterium hominis</i>	SC1-R1	1
<i>Microbacterium oxydans</i>	SC1-R1	1
<i>Microbacterium pygmaeum</i>	SC1-R1	1
<i>Microbacterium sediminis</i>	SC1-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Microbacterium testaceum</i>	SC1-R1	1
<i>Micromonospora sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Miniimonas sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Moraxella cuniculi</i>	SC1-R1	1
<i>Moraxella osloensis</i>	SC1-R1	1
<i>Mucilaginibacter paludis</i>	SC1-R1	1
<i>Mycobacterium</i>	SC1-R1	1
<i>Mycobacterium canettii</i>	SC1-R1	1
<i>Mycobacterium canettii</i>	SC1-R1	1
<i>Mycobacterium chimaera</i>	SC1-R1	2
<i>Mycobacterium kansasii</i>	SC1-R1	1
<i>Mycobacterium sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Mycobacterium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Mycobacteroides salmoniphilum</i>	SC1-R1	1
<i>Mycobacteroides saopaulense</i>	SC1-R1	1
<i>Mycolicibacterium aurum</i>	SC1-R1	1
<i>Mycolicibacterium chitae</i>	SC1-R1	1
<i>Nakamurella multipartita</i>	SC1-R1	1
<i>Nocardia otitidiscaviarum</i>	SC1-R1	1
<i>Ornithinimicrobium flavum</i>	SC1-R1	1
<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Paenibacillus physcomitrellae</i>	SC1-R1	1
<i>Paenibacillus sp.</i>	SC1-R1	1

<i>Paracoccus mutanolyticus</i>	SC1-R1	2
<i>Parageobacillus genomosp.</i>	SC1-R1	1
<i>Pectobacterium</i>	SC1-R1	1
<i>Pectobacterium carotovorum</i>	SC1-R1	1
<i>Pediococcus acidilactici</i>	SC1-R1	2
<i>Pediococcus claussenii</i>	SC1-R1	1
<i>Pediococcus damnosus</i>	SC1-R1	3
<i>Pediococcus inopinatus</i>	SC1-R1	3
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	SC1-R1	8
<i>Planctomyces sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Plantactinospora sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Plantibacter</i>	SC1-R1	1
<i>Plantibacter flavus</i>	SC1-R1	1
<i>Polaribacter sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Prauserella marina</i>	SC1-R1	1
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC1-R1	3
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC1-R1	1
<i>Pseudarthrobacter equi</i>	SC1-R1	1
<i>Pseudarthrobacter sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Pseudomonas</i>	SC1-R1	6
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	SC1-R1	1
<i>Pseudomonas azotoformans</i>	SC1-R1	1
<i>Pseudomonas furukawaii</i>	SC1-R1	1
<i>Pseudonocardia</i>	SC1-R1	1
<i>Psychrobacter</i>	SC1-R1	5
<i>Psychrobacter arcticus</i>	SC1-R1	1
<i>Psychrobacter cryohalolentis</i>	SC1-R1	1
<i>Psychrobacter sp.</i>	SC1-R1	4
<i>Psychrobacter sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Psychrobacter sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Psychrobacter sp.</i>	SC1-R1	1

<i>Ramlibacter tataouinensis</i>	SC1-R1	1
<i>Rathayibacter iranicus</i>	SC1-R1	1
<i>Rhizobium sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Rhodococcus opacus</i>	SC1-R1	1
<i>Rhodococcus rhodochrous</i>	SC1-R1	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC1-R1	3
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Rhodopseudomonas palustris</i>	SC1-R1	1
<i>Rhodovulum sulfidophilum</i>	SC1-R1	1
<i>Saccharomonospora marina</i>	SC1-R1	1
<i>Sagittula sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Salarchaeum sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Salinicoccus halodurans</i>	SC1-R1	1
<i>Schaalia meyeri</i>	SC1-R1	1
<i>Serinicoccus sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Serratia</i>	SC1-R1	48
<i>Serratia marcescens</i>	SC1-R1	36
<i>Serratia plymuthica</i>	SC1-R1	1
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Staphylococcus</i>	SC1-R1	55
<i>Staphylococcus aureus</i>	SC1-R1	15
<i>Staphylococcus carnosus</i>	SC1-R1	2
<i>Staphylococcus carnosus</i>	SC1-R1	2
<i>Staphylococcus cohnii</i>	SC1-R1	2
<i>Staphylococcus condimentii</i>	SC1-R1	1
<i>Staphylococcus equorum</i>	SC1-R1	27
<i>Staphylococcus hominis</i>	SC1-R1	1
<i>Staphylococcus nepalensis</i>	SC1-R1	7

<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	SC1-R1	756
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	SC1-R1	2
<i>Staphylococcus sciuri</i>	SC1-R1	2
<i>Staphylococcus sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Staphylococcus xylosus</i>	SC1-R1	21
<i>Stenotrophomonas</i>	SC1-R1	1
<i>Streptococcus</i>	SC1-R1	4
<i>Streptococcus infantarius</i>	SC1-R1	3
<i>Streptococcus mutans</i>	SC1-R1	1
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC1-R1	2
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC1-R1	7
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces</i>	SC1-R1	7
<i>Streptomyces albulus</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces cattleya</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces chartreusis</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces clavuligerus</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces fulvissimus</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces reticuli</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces scabiei</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces xiamenensis</i>	SC1-R1	1
<i>Streptomyces xinghaiensis</i>	SC1-R1	3
<i>Thermosipho africanus</i>	SC1-R1	1
<i>Tropheryma whipplei</i>	SC1-R1	1
<i>Virgibacillus</i>	SC1-R1	1
<i>Weissella</i>	SC1-R1	1

<i>Weissella cibaria</i>	SC1-R1	1
<i>Weissella hellenica</i>	SC1-R1	1
<i>Weissella jogaejeotgali</i>	SC1-R1	59
<i>Weissella viridescens</i>	SC1-R1	1
<i>Xylanibacterium sp.</i>	SC1-R1	2
<i>Acholeplasma oculi</i>	SC1-R2	1
<i>Achromobacter</i>	SC1-R2	1
<i>Achromobacter denitrificans</i>	SC1-R2	2
<i>Achromobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	SC1-R2	19
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	SC1-R2	2
<i>Acidipropionibacterium</i>	SC1-R2	79
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC1-R2	1529
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC1-R2	42
<i>Acidipropionibacterium jensenii</i>	SC1-R2	30
<i>Acidipropionibacterium virtanenii</i>	SC1-R2	13
<i>Acidovorax sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Acinetobacter ursingii</i>	SC1-R2	1
<i>Actinoalloteichus sp.</i>	SC1-R2	29
<i>Actinobacillus porciconsillarum</i>	SC1-R2	1
<i>Actinomyces radidentis</i>	SC1-R2	3
<i>Actinomyces sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Actinoplanes sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Actinoplanes teichomyceticus</i>	SC1-R2	1
<i>Actinopolyspora erythraea</i>	SC1-R2	1
<i>Aerococcus sanguinicola</i>	SC1-R2	1
<i>Aerococcus viridans</i>	SC1-R2	1
<i>Aeromicrobium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Aeromonas</i>	SC1-R2	1
<i>Aeromonas sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Aeromonas sp.</i>	SC1-R2	1

<i>Agrobacterium rhizogenes</i>	SC1-R2	1
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	SC1-R2	1
<i>Agromyces flavus</i>	SC1-R2	1
<i>Alcaligenes</i>	SC1-R2	907
<i>Alcaligenes aquatilis</i>	SC1-R2	25
<i>Alcaligenes faecalis</i>	SC1-R2	11707
<i>Alcanivorax sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Aquitalea sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	SC1-R2	1
<i>Arsenophonus nasoniae</i>	SC1-R2	1
<i>Arthrobacter</i>	SC1-R2	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Azotobacter vinelandii</i>	SC1-R2	1
<i>Bacillus cereus</i>	SC1-R2	39
<i>Bacillus cereus</i>	SC1-R2	4
<i>Bacillus sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium</i>	SC1-R2	14
<i>Bifidobacterium actinocoloniiforme</i>	SC1-R2	2
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	SC1-R2	2
<i>Bifidobacterium angulatum</i>	SC1-R2	3
<i>Bifidobacterium angulatum</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium animalis</i>	SC1-R2	5
<i>Bifidobacterium asteroides</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	SC1-R2	2
<i>Bifidobacterium breve</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium breve</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium gallinarum</i>	SC1-R2	3
<i>Bifidobacterium longum</i>	SC1-R2	3

<i>Bifidobacterium longum</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium pseudolongum</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium pseudolongum</i>	SC1-R2	1
<i>Bifidobacterium scardovii</i>	SC1-R2	3
<i>Bifidobacterium thermophilum</i>	SC1-R2	6
<i>Bordetella sp.</i>	SC1-R2	6
<i>Bordetella trematum</i>	SC1-R2	1
<i>Brachybacterium</i>	SC1-R2	1
<i>Brachybacterium faecium</i>	SC1-R2	1
<i>Brachybacterium saurashtrense</i>	SC1-R2	3
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC1-R2	3
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC1-R2	2
<i>Brenneria</i>	SC1-R2	1
<i>Brenneria rubrifaciens</i>	SC1-R2	2
<i>Brevibacterium</i>	SC1-R2	14
<i>Brevibacterium aurantiacum</i>	SC1-R2	11
<i>Brevibacterium linens</i>	SC1-R2	27
<i>Brevibacterium sandarakinum</i>	SC1-R2	5
<i>Brevibacterium siliguriense</i>	SC1-R2	4
<i>Brevibacterium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Burkholderia cepacia</i>	SC1-R2	1
<i>Burkholderia multivorans</i>	SC1-R2	1
<i>Candidatus Planktophila</i>	SC1-R2	1
<i>Carnobacterium divergens</i>	SC1-R2	5
<i>Carnobacterium inhibens</i>	SC1-R2	1
<i>Carnobacterium maltaromaticum</i>	SC1-R2	5
<i>Carnobacterium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Cedecea neteri</i>	SC1-R2	3
<i>Cellulosimicrobium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Chania multitudinisentens</i>	SC1-R2	1
<i>Citrobacter</i>	SC1-R2	1

<i>Citrobacter farmeri</i>	SC1-R2	5
<i>Citrobacter freundii</i>	SC1-R2	1
<i>Citrobacter freundii</i>	SC1-R2	1
<i>Cohnella sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Corynebacterium</i>	SC1-R2	74
<i>Corynebacterium ammoniagenes</i>	SC1-R2	1
<i>Corynebacterium casei</i>	SC1-R2	72
<i>Corynebacterium efficiens</i>	SC1-R2	1
<i>Corynebacterium flavescens</i>	SC1-R2	1
<i>Corynebacterium glyciniphilum</i>	SC1-R2	6
<i>Corynebacterium provencense</i>	SC1-R2	7
<i>Corynebacterium singulare</i>	SC1-R2	1
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Corynebacterium stationis</i>	SC1-R2	2
<i>Corynebacterium terpenotabidum</i>	SC1-R2	9
<i>Corynebacterium testudinoris</i>	SC1-R2	1
<i>Corynebacterium variabile</i>	SC1-R2	2287
<i>Corynebacterium vitaeruminis</i>	SC1-R2	1
<i>Corynebacterium xerosis</i>	SC1-R2	3
<i>Cronobacter</i>	SC1-R2	3
<i>Cronobacter turicensis</i>	SC1-R2	1
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Cutibacterium avidum</i>	SC1-R2	1
<i>Devosia sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Dickeya</i>	SC1-R2	6
<i>Dickeya chrysanthemi</i>	SC1-R2	1
<i>Dickeya dadantii</i>	SC1-R2	2
<i>Dickeya dadantii</i>	SC1-R2	1
<i>Dickeya paradisiaca</i>	SC1-R2	1
<i>Dickeya solani</i>	SC1-R2	1
<i>Dickeya sp.</i>	SC1-R2	2

<i>Dolosigranulum pigrum</i>	SC1-R2	1
<i>Edwardsiella</i>	SC1-R2	6
<i>Edwardsiella hoshinae</i>	SC1-R2	1
<i>Edwardsiella ictaluri</i>	SC1-R2	1
<i>Edwardsiella tarda</i>	SC1-R2	1
<i>Enterobacter</i>	SC1-R2	8
<i>Enterobacter bugandensis</i>	SC1-R2	1
<i>Enterobacter cancerogenus</i>	SC1-R2	1
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC1-R2	6
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC1-R2	4
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC1-R2	1
<i>Enterobacter hormaechei</i>	SC1-R2	1
<i>Enterobacter kobei</i>	SC1-R2	1
<i>Enterobacter ludwigii</i>	SC1-R2	2
<i>Enterobacter sp.</i>	SC1-R2	2
<i>Enterobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Enterobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Enterobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Enterococcus</i>	SC1-R2	7
<i>Enterococcus durans</i>	SC1-R2	1
<i>Enterococcus faecalis</i>	SC1-R2	1
<i>Enterococcus faecium</i>	SC1-R2	23
<i>Enterococcus faecium</i>	SC1-R2	1
<i>Enterococcus gilvus</i>	SC1-R2	7
<i>Enterococcus sp.</i>	SC1-R2	4
<i>Enterococcus sp.</i>	SC1-R2	3
<i>Erwinia</i>	SC1-R2	1
<i>Erwinia amylovora</i>	SC1-R2	1
<i>Erwinia tasmaniensis</i>	SC1-R2	2
<i>Escherichia albertii</i>	SC1-R2	1
<i>Escherichia coli</i>	SC1-R2	5

<i>Flaviflexus salsibiostraticola</i>	SC1-R2	1
<i>Frankia symbiont</i>	SC1-R2	1
<i>Gardnerella vaginalis</i>	SC1-R2	3
<i>Gemella haemolysans</i>	SC1-R2	1
<i>Gibbsiella quercinecans</i>	SC1-R2	4
<i>Glutamicibacter arilaitensis</i>	SC1-R2	1
<i>Gordonia</i>	SC1-R2	1
<i>Gordonia bronchialis</i>	SC1-R2	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Gryllotalpicola sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Hafnia alvei</i>	SC1-R2	6
<i>Hafnia alvei</i>	SC1-R2	1
<i>Hafnia paralvei</i>	SC1-R2	2
<i>Halomonas sp.</i>	SC1-R2	3
<i>Herbaspirillum seropedicae</i>	SC1-R2	1
<i>Humibacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Hydrogenophaga crassostreae</i>	SC1-R2	1
<i>Hydrogenovibrio crunogenus</i>	SC1-R2	1
<i>Isoptericola dokdonensis</i>	SC1-R2	1
<i>Izhakiella sp.</i>	SC1-R2	4
<i>Jatrophihabitans sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Jeotgalibaca sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Kerstersia gyiorum</i>	SC1-R2	13
<i>Kingella kingae</i>	SC1-R2	1
<i>Klebsiella</i>	SC1-R2	7
<i>Klebsiella aerogenes</i>	SC1-R2	8
<i>Klebsiella michiganensis</i>	SC1-R2	1
<i>Klebsiella oxytoca</i>	SC1-R2	2
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	SC1-R2	19
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	SC1-R2	1
<i>Klebsiella sp.</i>	SC1-R2	2

<i>Klebsiella sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Klebsiella variicola</i>	SC1-R2	1
<i>Kocuria palustris</i>	SC1-R2	1
<i>Kocuria rosea</i>	SC1-R2	2
<i>Komagataeibacter rhaeticus</i>	SC1-R2	18
<i>Kutzneria albida</i>	SC1-R2	1
<i>Kytococcus sedentarius</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus</i>	SC1-R2	785
<i>Lactobacillus acetotolerans</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus acidipiscis</i>	SC1-R2	3
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus allii</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus amylophilus</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus backii</i>	SC1-R2	28
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC1-R2	1461
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC1-R2	19
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC1-R2	3
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC1-R2	6
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus casei</i>	SC1-R2	5
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus crustorum</i>	SC1-R2	4
<i>Lactobacillus curvatus</i>	SC1-R2	28
<i>Lactobacillus curvatus</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC1-R2	2
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus farciminis</i>	SC1-R2	11
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC1-R2	37
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC1-R2	2
<i>Lactobacillus gallinarum</i>	SC1-R2	12
<i>Lactobacillus gasseri</i>	SC1-R2	4

<i>Lactobacillus gasseri</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC1-R2	7
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus hokkaidonensis</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus koreensis</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus lindneri</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus oligofermentans</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus parabuchneri</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC1-R2	10
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	SC1-R2	3
<i>Lactobacillus paraplanatarum</i>	SC1-R2	2239
<i>Lactobacillus pentosus</i>	SC1-R2	14
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R2	498
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R2	16
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R2	7
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R2	7
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R2	5
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R2	4
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	SC1-R2	98
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus sakei</i>	SC1-R2	11
<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	SC1-R2	1
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC1-R2	2
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC1-R2	2
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Lactococcus</i>	SC1-R2	254
<i>Lactococcus garvieae</i>	SC1-R2	5

<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	8139
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	1183
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	266
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	56
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	34
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	21
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	19
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	17
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	6
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	3
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	3
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC1-R2	1
<i>Lactococcus piscium</i>	SC1-R2	5
<i>Lactococcus raffinolactis</i>	SC1-R2	2
<i>Leclercia</i>	SC1-R2	1
<i>Leclercia adecarboxylata</i>	SC1-R2	3
<i>Legionella pneumophila</i>	SC1-R2	1
<i>Lelliottia amnigena</i>	SC1-R2	2
<i>Lelliottia jeotgali</i>	SC1-R2	4
<i>Lelliottia nimipressuralis</i>	SC1-R2	1
<i>Lelliottia sp.</i>	SC1-R2	3
<i>Leptospira santarosai</i>	SC1-R2	3
<i>Leucobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Leuconostoc citreum</i>	SC1-R2	14
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC1-R2	2
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC1-R2	3
<i>Libanicoccus massiliensis</i>	SC1-R2	1
<i>Listeria monocytogenes</i>	SC1-R2	2
<i>Lonsdalea britannica</i>	SC1-R2	2

<i>Marinilactibacillus sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Massilia putida</i>	SC1-R2	1
<i>Methylocaldum marinum</i>	SC1-R2	2
<i>Methylotenera mobilis</i>	SC1-R2	1
<i>Microbacterium</i>	SC1-R2	1
<i>Microbacterium oxydans</i>	SC1-R2	1
<i>Microbacterium sediminis</i>	SC1-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Miniimonas sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Mixta gaviniae</i>	SC1-R2	1
<i>Moraxella osloensis</i>	SC1-R2	2
<i>Morganella morganii</i>	SC1-R2	1
<i>Mycobacterium</i>	SC1-R2	1
<i>Mycolicibacterium gilvum</i>	SC1-R2	1
<i>Myroides</i>	SC1-R2	89
<i>Myroides odoratimimus</i>	SC1-R2	13
<i>Myroides profundus</i>	SC1-R2	6
<i>Myroides sp.</i>	SC1-R2	7
<i>Myroides sp.</i>	SC1-R2	5
<i>Neorhizobium galegae</i>	SC1-R2	1
<i>Nissabacter sp.</i>	SC1-R2	2
<i>Nocardia sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Nocardioides</i>	SC1-R2	1
<i>Nocardioides sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Oenococcus kitaharae</i>	SC1-R2	1
<i>Ottowia oryzae</i>	SC1-R2	1
<i>Paenalcaligenes hominis</i>	SC1-R2	1
<i>Paenibacillus thiaminolyticus</i>	SC1-R2	1

<i>Pandoraea norimbergensis</i>	SC1-R2	1
<i>Pantoea agglomerans</i>	SC1-R2	1
<i>Pantoea ananatis</i>	SC1-R2	1
<i>Pantoea dispersa</i>	SC1-R2	4
<i>Pantoea sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Pantoea vagans</i>	SC1-R2	5
<i>Paracoccus sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Pasteurella multocida</i>	SC1-R2	1
<i>Pectobacterium</i>	SC1-R2	4
<i>Pectobacterium carotovorum</i>	SC1-R2	1
<i>Pectobacterium carotovorum</i>	SC1-R2	1
<i>Pectobacterium parmentieri</i>	SC1-R2	7
<i>Pectobacterium polaris</i>	SC1-R2	1
<i>Pediococcus claussenii</i>	SC1-R2	2
<i>Pediococcus claussenii</i>	SC1-R2	1
<i>Pediococcus damnosus</i>	SC1-R2	6
<i>Pediococcus inopinatus</i>	SC1-R2	3
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	SC1-R2	30
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	SC1-R2	1
<i>Phytobacter ursingii</i>	SC1-R2	1
<i>Pigmentiphaga sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Planctopirus limnophila</i>	SC1-R2	1
<i>Plautia stali</i>	SC1-R2	1
<i>Plesiomonas shigelloides</i>	SC1-R2	2
<i>Pluralibacter gergoviae</i>	SC1-R2	2
<i>Pragia sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Prauserella marina</i>	SC1-R2	1
<i>Prevotella scopos</i>	SC1-R2	1
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC1-R2	99
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC1-R2	1
<i>Proteus</i>	SC1-R2	15

<i>Proteus mirabilis</i>	SC1-R2	5
<i>Proteus vulgaris</i>	SC1-R2	304
<i>Providencia</i>	SC1-R2	2
<i>Providencia rettgeri</i>	SC1-R2	66
<i>Providencia rettgeri</i>	SC1-R2	7
<i>Providencia sneebia</i>	SC1-R2	1
<i>Pseudarthrobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Pseudomonas</i>	SC1-R2	8
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	SC1-R2	5
<i>Pseudomonas antarctica</i>	SC1-R2	1
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	SC1-R2	1
<i>Pseudomonas guangdongensis</i>	SC1-R2	1
<i>Pseudomonas lini</i>	SC1-R2	1
<i>Pseudomonas putida</i>	SC1-R2	1
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Pseudomonas yamanorum</i>	SC1-R2	1
<i>Psychrobacter sp.</i>	SC1-R2	2
<i>Psychrobacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Pusillimonas sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Rahnella</i>	SC1-R2	3
<i>Ralstonia solanacearum</i>	SC1-R2	6
<i>Raoultella electrica</i>	SC1-R2	1
<i>Raoultella planticola</i>	SC1-R2	1
<i>Rathayibacter festucae</i>	SC1-R2	1
<i>Rhizobium jaguaris</i>	SC1-R2	2
<i>Rhizobium leguminosarum</i>	SC1-R2	1
<i>Rhodoferax saidenbachensis</i>	SC1-R2	1
<i>Rhodovulum sulfidophilum</i>	SC1-R2	1
<i>Saccharomonospora glauca</i>	SC1-R2	1
<i>Salinispora tropica</i>	SC1-R2	1
<i>Salinivibrio sp.</i>	SC1-R2	1

<i>Salmonella enterica</i>	SC1-R2	2
<i>Salmonella enterica</i>	SC1-R2	1
<i>Salmonella enterica</i>	SC1-R2	1
<i>Serratia</i>	SC1-R2	9711
<i>Serratia ficaria</i>	SC1-R2	3
<i>Serratia fonticola</i>	SC1-R2	24
<i>Serratia liquefaciens</i>	SC1-R2	18
<i>Serratia liquefaciens</i>	SC1-R2	5
<i>Serratia marcescens</i>	SC1-R2	7349
<i>Serratia marcescens</i>	SC1-R2	73
<i>Serratia marcescens</i>	SC1-R2	73
<i>Serratia marcescens</i>	SC1-R2	59
<i>Serratia odorifera</i>	SC1-R2	42
<i>Serratia plymuthica</i>	SC1-R2	70
<i>Serratia plymuthica</i>	SC1-R2	16
<i>Serratia plymuthica</i>	SC1-R2	4
<i>Serratia plymuthica</i>	SC1-R2	1
<i>Serratia proteamaculans</i>	SC1-R2	9
<i>Serratia quinivorans</i>	SC1-R2	20
<i>Serratia rubidaea</i>	SC1-R2	27
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	279
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	255
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	50
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	48
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	17
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	13
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	11
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	10
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	10
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	4
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	4

<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	3
<i>Serratia sp.</i>	SC1-R2	3
<i>Shigella flexneri</i>	SC1-R2	1
<i>Shigella sonnei</i>	SC1-R2	1
<i>Shimwellia blattae</i>	SC1-R2	1
<i>Sinorhizobium meliloti</i>	SC1-R2	1
<i>Sodalis glossinidius</i>	SC1-R2	2
<i>Sodalis praecaptivus</i>	SC1-R2	1
<i>Sphingobium baderi</i>	SC1-R2	1
<i>Sphingomonas taxi</i>	SC1-R2	1
<i>Spirosoma pollinicola</i>	SC1-R2	2
<i>Spongiibacter sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Staphylococcus aureus</i>	SC1-R2	7
<i>Staphylococcus hyicus</i>	SC1-R2	1
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	SC1-R2	14
<i>Staphylococcus xylosus</i>	SC1-R2	1
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus</i>	SC1-R2	19
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus gordonii</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus infantarius</i>	SC1-R2	24
<i>Streptococcus macedonicus</i>	SC1-R2	3
<i>Streptococcus merionis</i>	SC1-R2	2
<i>Streptococcus pluranimalium</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus pseudopneumoniae</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC1-R2	27
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC1-R2	3
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC1-R2	2

<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC1-R2	1
<i>Streptococcus urinalis</i>	SC1-R2	1
<i>Streptomyces</i>	SC1-R2	2
<i>Streptomyces bingchenggensis</i>	SC1-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC1-R2	1
<i>Streptomyces vietnamensis</i>	SC1-R2	1
<i>Streptosporangium roseum</i>	SC1-R2	1
<i>Synechococcus lividus</i>	SC1-R2	1
<i>Tatumella citrea</i>	SC1-R2	1
<i>Tessaracoccus timonensis</i>	SC1-R2	5
<i>Tetragenococcus koreensis</i>	SC1-R2	1
<i>Thauera hydrothermalis</i>	SC1-R2	12
<i>unclassified Planctomycetes</i>	SC1-R2	1
<i>Variovorax sp.</i>	SC1-R2	2
<i>Vibrio furnissii</i>	SC1-R2	1
<i>Vibrio tasmaniensis</i>	SC1-R2	1
<i>Weeksella virosa</i>	SC1-R2	1
<i>Weissella</i>	SC1-R2	1
<i>Weissella cibaria</i>	SC1-R2	1
<i>Weissella jogaejeotgali</i>	SC1-R2	1
<i>Weissella viridescens</i>	SC1-R2	9
<i>Xanthomonas gardneri</i>	SC1-R2	1
<i>Xanthomonas hortorum</i>	SC1-R2	1
<i>Xenorhabdus doucetiae</i>	SC1-R2	1
<i>Yersinia</i>	SC1-R2	1
<i>Yersinia aleksiciae</i>	SC1-R2	1
<i>Yersinia frederiksenii</i>	SC1-R2	7
<i>Yersinia massiliensis</i>	SC1-R2	1
<i>Yersinia pestis</i>	SC1-R2	3
<i>Yersinia ruckeri</i>	SC1-R2	1
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	SC2-R1	1

<i>Acidipropionibacterium</i>	SC2-R1	1
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC2-R1	13
<i>Acidipropionibacterium jensenii</i>	SC2-R1	2
<i>Acidipropionibacterium virtanenii</i>	SC2-R1	1
<i>Acidithiobacillus ferridurans</i>	SC2-R1	1
<i>Acinetobacter</i>	SC2-R1	2
<i>Acinetobacter baumannii</i>	SC2-R1	1
<i>Acinetobacter defluvii</i>	SC2-R1	1
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>	SC2-R1	1
<i>Acinetobacter indicus</i>	SC2-R1	1
<i>Acinetobacter ursingii</i>	SC2-R1	25
<i>Acinetobacter venetianus</i>	SC2-R1	1
<i>Actinoalloteichus sp.</i>	SC2-R1	269
<i>Actinomyces</i>	SC2-R1	2
<i>Actinomyces israelii</i>	SC2-R1	1
<i>Actinomyces naeslundii</i>	SC2-R1	1
<i>Actinomyces radidentis</i>	SC2-R1	1
<i>Actinomyces sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Actinomyces sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Actinomyces viscosus</i>	SC2-R1	1
<i>Actinoplanes sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Actinoplanes sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Actinopolymorpha singaporensis</i>	SC2-R1	1
<i>Aeromicrobium choanae</i>	SC2-R1	1
<i>Aeromicrobium erythreum</i>	SC2-R1	1
<i>Aeromicrobium marinum</i>	SC2-R1	2
<i>Agrococcus carbonis</i>	SC2-R1	1
<i>Agromyces aureus</i>	SC2-R1	1
<i>Agromyces flavus</i>	SC2-R1	1
<i>Agromyces sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Agromyces sp.</i>	SC2-R1	1

<i>Alcaligenes</i>	SC2-R1	1
<i>Alcaligenes faecalis</i>	SC2-R1	60
<i>Alcanivorax sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Aminomonas paucivorans</i>	SC2-R1	1
<i>Amycolatopsis</i>	SC2-R1	2
<i>Amycolatopsis albispora</i>	SC2-R1	1
<i>Archaeoglobus veneficus</i>	SC2-R1	1
<i>Arthrobacter</i>	SC2-R1	1
<i>Arthrobacter alpinus</i>	SC2-R1	1
<i>Arthrobacter crystallopoietes</i>	SC2-R1	4
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	5
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	4
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Auritidibacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Bacillus beveridgei</i>	SC2-R1	1
<i>Bacillus cereus</i>	SC2-R1	173
<i>Bacillus cereus</i>	SC2-R1	6
<i>Bacillus sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Bacillus subtilis</i>	SC2-R1	1
<i>Bacillus thuringiensis</i>	SC2-R1	1
<i>Baumannia cicadellinicola</i>	SC2-R1	1
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	SC2-R1	1
<i>Bifidobacterium choerinum</i>	SC2-R1	3
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	SC2-R1	1

<i>Bifidobacterium pseudolongum</i>	SC2-R1	1
<i>Bifidobacterium pseudolongum</i>	SC2-R1	1
<i>Blastococcus saxosidens</i>	SC2-R1	1
<i>Brachybacterium</i>	SC2-R1	11
<i>Brachybacterium faecium</i>	SC2-R1	23
<i>Brachybacterium ginsengisoli</i>	SC2-R1	17
<i>Brachybacterium saurashtrense</i>	SC2-R1	23
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC2-R1	17
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC2-R1	8
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC2-R1	8
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC2-R1	5
<i>Bradyrhizobium</i>	SC2-R1	1
<i>Bradyrhizobium lablabi</i>	SC2-R1	1
<i>Brevibacterium</i>	SC2-R1	63
<i>Brevibacterium aurantiacum</i>	SC2-R1	70
<i>Brevibacterium linens</i>	SC2-R1	184
<i>Brevibacterium sandarakinum</i>	SC2-R1	29
<i>Brevibacterium siliguriense</i>	SC2-R1	15
<i>Brevibacterium sp.</i>	SC2-R1	3
<i>Burkholderia mallei</i>	SC2-R1	1
<i>Burkholderia territorii</i>	SC2-R1	1
<i>Candidatus Planktophila</i>	SC2-R1	1
<i>Carnobacterium divergens</i>	SC2-R1	3
<i>Carnobacterium maltaromaticum</i>	SC2-R1	10
<i>Catenulispora acidiphila</i>	SC2-R1	1
<i>Cellulomonas gilvus</i>	SC2-R1	1
<i>Cellulosimicrobium cellulans</i>	SC2-R1	1
<i>Cellvibrio sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Citricoccus</i>	SC2-R1	4
<i>Citrobacter freundii</i>	SC2-R1	1
<i>Clavibacter michiganensis</i>	SC2-R1	1

<i>Corynebacterium</i>	SC2-R1	107
<i>Corynebacterium argentoratense</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium casei</i>	SC2-R1	45
<i>Corynebacterium deserti</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium efficiens</i>	SC2-R1	2
<i>Corynebacterium falsenii</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium flavescens</i>	SC2-R1	280
<i>Corynebacterium frankenforstense</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium glaucum</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium glyciniphilum</i>	SC2-R1	6
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium maris</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium matruchotii</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium mycetoides</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium provencense</i>	SC2-R1	5
<i>Corynebacterium singulare</i>	SC2-R1	7
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium striatum</i>	SC2-R1	4
<i>Corynebacterium terpenotabidum</i>	SC2-R1	24
<i>Corynebacterium timonense</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium uterequi</i>	SC2-R1	1
<i>Corynebacterium variabile</i>	SC2-R1	3298
<i>Corynebacterium vitaeruminis</i>	SC2-R1	2
<i>Corynebacterium xerosis</i>	SC2-R1	1
<i>Cryobacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Cupriavidus pinatubonensis</i>	SC2-R1	1
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC2-R1	1

<i>Cutibacterium acnes</i>	SC2-R1	1
<i>Denitrobacterium detoxificans</i>	SC2-R1	1
<i>Dietzia timorensis</i>	SC2-R1	2
<i>Enterobacter</i>	SC2-R1	2
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC2-R1	2
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC2-R1	1
<i>Enterococcus</i>	SC2-R1	1
<i>Enterococcus avium</i>	SC2-R1	2
<i>Enterococcus durans</i>	SC2-R1	1
<i>Enterococcus faecalis</i>	SC2-R1	7
<i>Enterococcus faecium</i>	SC2-R1	18
<i>Enterococcus gilvus</i>	SC2-R1	1
<i>Enterococcus sp.</i>	SC2-R1	6
<i>Enterococcus sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Escherichia coli</i>	SC2-R1	1
<i>Flaviflexus salsibiostraticola</i>	SC2-R1	1
<i>Flaviflexus sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Geoalkalibacter subterraneus</i>	SC2-R1	1
<i>Georgenia sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Georgenia sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Glutamicibacter</i>	SC2-R1	2
<i>Glutamicibacter arilaitensis</i>	SC2-R1	1
<i>Glutamicibacter creatinolyticus</i>	SC2-R1	1
<i>Glutamicibacter nicotianae</i>	SC2-R1	2
<i>Gordonia</i>	SC2-R1	1
<i>Gordonia bronchialis</i>	SC2-R1	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Halomonas sp.</i>	SC2-R1	4
<i>Hoeflea phototrophica</i>	SC2-R1	1
<i>Hydrogenophaga sp.</i>	SC2-R1	2

<i>Isoptericola variabilis</i>	SC2-R1	1
<i>Janthinobacterium agaricidamnosum</i>	SC2-R1	1
<i>Jiangella sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Jonesia denitrificans</i>	SC2-R1	1
<i>Klebsiella</i>	SC2-R1	9
<i>Klebsiella aerogenes</i>	SC2-R1	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	SC2-R1	1
<i>Klebsiella quasivariicola</i>	SC2-R1	1
<i>Kocuria flava</i>	SC2-R1	2
<i>Kocuria indica</i>	SC2-R1	1
<i>Kocuria palustris</i>	SC2-R1	2
<i>Kocuria rosea</i>	SC2-R1	1
<i>Kocuria turfanensis</i>	SC2-R1	3
<i>Kytococcus sedentarius</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus</i>	SC2-R1	1797
<i>Lactobacillus acidipiscis</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus allii</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus amylophilus</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus backii</i>	SC2-R1	25
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC2-R1	364
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC2-R1	10
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC2-R1	4
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus casei</i>	SC2-R1	45
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC2-R1	5
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus crispatus</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus curvatus</i>	SC2-R1	18
<i>Lactobacillus curvatus</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC2-R1	2

<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC2-R1	16
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC2-R1	5
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus gallinarum</i>	SC2-R1	23
<i>Lactobacillus gasseri</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC2-R1	19
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC2-R1	3
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus murinus</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus oligofermentans</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC2-R1	24
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC2-R1	3
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	SC2-R1	2
<i>Lactobacillus paraplantarum</i>	SC2-R1	4
<i>Lactobacillus pentosus</i>	SC2-R1	8
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R1	1027
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R1	16
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R1	4
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R1	3
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	SC2-R1	17
<i>Lactobacillus sakei</i>	SC2-R1	21
<i>Lactobacillus salivarius</i>	SC2-R1	1
<i>Lactobacillus salivarius</i>	SC2-R1	1

<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	SC2-R1	1
<i>Lactococcus</i>	SC2-R1	270
<i>Lactococcus garvieae</i>	SC2-R1	13
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	7677
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	1075
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	269
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	68
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	29
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	27
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	23
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	16
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	1
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	1
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R1	1
<i>Lactococcus piscium</i>	SC2-R1	4
<i>Lactococcus piscium</i>	SC2-R1	1
<i>Lactococcus raffinolactis</i>	SC2-R1	1
<i>Lactococcus sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Lactococcus sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Leclercia</i>	SC2-R1	12
<i>Leclercia adecarboxylata</i>	SC2-R1	15
<i>Legionella fallonii</i>	SC2-R1	1
<i>Leifsonia</i>	SC2-R1	2
<i>Leifsonia xyli</i>	SC2-R1	1
<i>Lentzea guizhouensis</i>	SC2-R1	1
<i>Leucobacter</i>	SC2-R1	1
<i>Leucobacter sp.</i>	SC2-R1	2

<i>Leucobacter triazinivorans</i>	SC2-R1	3
<i>Leuconostoc</i>	SC2-R1	75
<i>Leuconostoc carnosum</i>	SC2-R1	7
<i>Leuconostoc citreum</i>	SC2-R1	11
<i>Leuconostoc citreum</i>	SC2-R1	8
<i>Leuconostoc garlicum</i>	SC2-R1	1
<i>Leuconostoc gelidum</i>	SC2-R1	1
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC2-R1	2
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC2-R1	1
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC2-R1	191
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC2-R1	15
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC2-R1	4
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC2-R1	4
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC2-R1	1
<i>Leuconostoc suionicum</i>	SC2-R1	1
<i>Listeria monocytogenes</i>	SC2-R1	1
<i>Listeria seeligeri</i>	SC2-R1	1
<i>Luteibacter rhizovicinus</i>	SC2-R1	1
<i>Luteimonas sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Luteipulveratus mongoliensis</i>	SC2-R1	2
<i>Lysinimonas sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Marivirga tractuosa</i>	SC2-R1	1
<i>Melissococcus plutonius</i>	SC2-R1	1
<i>Melittangium boletus</i>	SC2-R1	1
<i>Methylobacterium oryzae</i>	SC2-R1	1
<i>Microbacterium</i>	SC2-R1	4
<i>Microbacterium foliorum</i>	SC2-R1	4
<i>Microbacterium lemovicicum</i>	SC2-R1	2
<i>Microbacterium oxydans</i>	SC2-R1	2
<i>Microbacterium pygmaeum</i>	SC2-R1	1
<i>Microbacterium sediminis</i>	SC2-R1	1

<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R1	3
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Micrococcus</i>	SC2-R1	1
<i>Micrococcus luteus</i>	SC2-R1	1
<i>Micromonospora</i>	SC2-R1	1
<i>Microterricola viridarii</i>	SC2-R1	2
<i>Mycetocola sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Mycobacterium avium</i>	SC2-R1	1
<i>Mycobacterium colombiense</i>	SC2-R1	1
<i>Mycobacterium dioxanotrophicus</i>	SC2-R1	1
<i>Mycobacterium intracellulare</i>	SC2-R1	1
<i>Mycobacterium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Mycolicibacterium</i>	SC2-R1	1
<i>Mycolicibacterium chitae</i>	SC2-R1	1
<i>Mycolicibacterium thermoresistibile</i>	SC2-R1	1
<i>Neomicrococcus aestuarii</i>	SC2-R1	1
<i>Nesterenkonia sp.</i>	SC2-R1	5
<i>Nocardia</i>	SC2-R1	1
<i>Nocardioides baekrokdamisoli</i>	SC2-R1	1
<i>Nocardioides sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Nocardiopsis alba</i>	SC2-R1	1
<i>Novosphingobium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Oceanithermus profundus</i>	SC2-R1	1
<i>Oenococcus</i>	SC2-R1	2
<i>Oerskovia sp.</i>	SC2-R1	1

<i>Ornithinimicrobium flavum</i>	SC2-R1	2
<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Ottowia oryzae</i>	SC2-R1	1
<i>Paenarthrobacter aurescens</i>	SC2-R1	1
<i>Paenibacillus</i>	SC2-R1	1
<i>Paenibacillus sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Pandoraea oxalativorans</i>	SC2-R1	1
<i>Paracoccus aminophilus</i>	SC2-R1	1
<i>Pediococcus acidilactici</i>	SC2-R1	2
<i>Pediococcus clausenii</i>	SC2-R1	11
<i>Pediococcus damnosus</i>	SC2-R1	2
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	SC2-R1	25
<i>Pelobacter</i>	SC2-R1	2
<i>Petrocella atlantisensis</i>	SC2-R1	1
<i>Phreatobacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Planctomycetes bacterium</i>	SC2-R1	1
<i>Plantibacter sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Polaribacter</i>	SC2-R1	1
<i>Prauserella marina</i>	SC2-R1	1
<i>Propionibacterium australiense</i>	SC2-R1	1
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC2-R1	2
<i>Pseudarthrobacter</i>	SC2-R1	3
<i>Pseudarthrobacter phenanthrenivorans</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudarthrobacter sulfonivorans</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudomonas</i>	SC2-R1	13
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudomonas frederiksbergensis</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudomonas oryzihabitans</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudomonas putida</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudomonas soli</i>	SC2-R1	2

<i>Pseudomonas sp.</i>	SC2-R1	3
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudonocardia</i>	SC2-R1	1
<i>Pseudoxanthomonas suwonensis</i>	SC2-R1	1
<i>Psychrobacter arcticus</i>	SC2-R1	1
<i>Psychromicrobium lacuslunae</i>	SC2-R1	1
<i>Ralstonia insidiosa</i>	SC2-R1	1
<i>Raoultella</i>	SC2-R1	6
<i>Raoultella ornithinolytica</i>	SC2-R1	2
<i>Raoultella terrigena</i>	SC2-R1	1
<i>Rathayibacter</i>	SC2-R1	1
<i>Rathayibacter tritici</i>	SC2-R1	1
<i>Renibacterium salmoninarum</i>	SC2-R1	1
<i>Rhizobium phaseoli</i>	SC2-R1	1
<i>Rhodococcus</i>	SC2-R1	2
<i>Rhodococcus pyridinivorans</i>	SC2-R1	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Rhodopirellula baltica</i>	SC2-R1	1
<i>Rothia mucilaginosa</i>	SC2-R1	1
<i>Saccharomonospora sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Sanguibacter keddiei</i>	SC2-R1	1
<i>Schaalia cardiffensis</i>	SC2-R1	2
<i>Schaalia radingae</i>	SC2-R1	1
<i>Selenomonas sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Sinomonas atrocyanea</i>	SC2-R1	3
<i>Sinorhizobium fredii</i>	SC2-R1	1
<i>Spirosoma pollinicola</i>	SC2-R1	3

<i>Staphylococcus</i>	SC2-R1	10
<i>Staphylococcus aureus</i>	SC2-R1	67
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	SC2-R1	13
<i>Staphylococcus sciuri</i>	SC2-R1	52
<i>Staphylococcus sciuri</i>	SC2-R1	5
<i>Stella vacuolata</i>	SC2-R1	1
<i>Stenotrophomonas</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus</i>	SC2-R1	696
<i>Streptococcus agalactiae</i>	SC2-R1	1
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus equi</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus equinus</i>	SC2-R1	5
<i>Streptococcus ferus</i>	SC2-R1	3
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC2-R1	10
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC2-R1	7
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC2-R1	4
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC2-R1	1
<i>Streptococcus infantarius</i>	SC2-R1	1248
<i>Streptococcus infantarius</i>	SC2-R1	13
<i>Streptococcus lutetiensis</i>	SC2-R1	14
<i>Streptococcus lutetiensis</i>	SC2-R1	9
<i>Streptococcus macedonicus</i>	SC2-R1	15
<i>Streptococcus parauberis</i>	SC2-R1	1
<i>Streptococcus pasteurianus</i>	SC2-R1	3
<i>Streptococcus pluranimalium</i>	SC2-R1	4
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus pyogenes</i>	SC2-R1	1
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC2-R1	4
<i>Streptococcus sanguinis</i>	SC2-R1	1
<i>Streptococcus sp.</i>	SC2-R1	6

<i>Streptococcus suis</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus suis</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus suis</i>	SC2-R1	1
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC2-R1	78
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC2-R1	9
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC2-R1	2
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC2-R1	1
<i>Streptococcus uberis</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces</i>	SC2-R1	9
<i>Streptomyces anulatus</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces bingchenggensis</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces formicae</i>	SC2-R1	2
<i>Streptomyces hygroscopicus</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces nodosus</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces olivoreticuli</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces pactum</i>	SC2-R1	2
<i>Streptomyces pratensis</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces rimosus</i>	SC2-R1	2
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces violaceoruber</i>	SC2-R1	1
<i>Streptomyces xiamenensis</i>	SC2-R1	1
<i>Streptosporangium sp.</i>	SC2-R1	2
<i>Swingsia samuiensis</i>	SC2-R1	1
<i>Tessaracoccus</i>	SC2-R1	1
<i>Tessaracoccus timonensis</i>	SC2-R1	1
<i>Tetragenococcus halophilus</i>	SC2-R1	1
<i>Thalassococcus sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Thermomonospora curvata</i>	SC2-R1	1

<i>Trueperella pyogenes</i>	SC2-R1	1
<i>Tsukamurella paurometabola</i>	SC2-R1	1
<i>Tsukamurella paurometabola</i>	SC2-R1	1
<i>Variovorax</i>	SC2-R1	1
<i>Weissella</i>	SC2-R1	2
<i>Weissella cibaria</i>	SC2-R1	3
<i>Weissella confusa</i>	SC2-R1	6
<i>Weissella hellenica</i>	SC2-R1	1
<i>Weissella jogaejeotgali</i>	SC2-R1	1
<i>Weissella koreensis</i>	SC2-R1	1
<i>Weissella paramesenteroides</i>	SC2-R1	1
<i>Weissella soli</i>	SC2-R1	1
<i>Weissella viridescens</i>	SC2-R1	5
<i>Wolbachia endosymbiont</i>	SC2-R1	1
<i>Xylanimicrobium sp.</i>	SC2-R1	1
<i>Acetobacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Acetomicrobium mobile</i>	SC2-R2	1
<i>Acholeplasma oculi</i>	SC2-R2	1
<i>Acidipropionibacterium</i>	SC2-R2	313
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC2-R2	6990
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC2-R2	199
<i>Acidipropionibacterium jensenii</i>	SC2-R2	77
<i>Acidipropionibacterium virtanenii</i>	SC2-R2	94
<i>Acinetobacter</i>	SC2-R2	2
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	SC2-R2	1
<i>Acinetobacter ursingii</i>	SC2-R2	3
<i>Actinoalloteichus</i>	SC2-R2	2
<i>Actinoalloteichus sp.</i>	SC2-R2	27
<i>Actinobaculum sp.</i>	SC2-R2	4
<i>Actinomyces</i>	SC2-R2	4
<i>Actinomyces howellii</i>	SC2-R2	1

<i>Actinomyces pacaensis</i>	SC2-R2	2
<i>Actinomyces radidentis</i>	SC2-R2	29
<i>Actinomyces slackii</i>	SC2-R2	2
<i>Actinomyces sp.</i>	SC2-R2	3
<i>Actinomyces sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Actinomyces sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Actinomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Actinomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Actinomyces viscosus</i>	SC2-R2	2
<i>Actinoplanes</i>	SC2-R2	2
<i>Actinoplanes derwentensis</i>	SC2-R2	1
<i>Actinoplanes friuliensis</i>	SC2-R2	1
<i>Actinoplanes sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Actinosynnema pretiosum</i>	SC2-R2	2
<i>Actinotignum schaalii</i>	SC2-R2	4
<i>Aerococcus</i>	SC2-R2	2
<i>Aerococcus sanguinicola</i>	SC2-R2	3
<i>Aerococcus urinae</i>	SC2-R2	2
<i>Aerococcus urinae</i>	SC2-R2	1
<i>Aerococcus urinaeequi</i>	SC2-R2	1
<i>Aerococcus viridans</i>	SC2-R2	3
<i>Aeromicrobium</i>	SC2-R2	1
<i>Aeromicrobium sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Agrobacterium rhizogenes</i>	SC2-R2	1
<i>Agromyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Agromyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Ahniella affigens</i>	SC2-R2	1
<i>Alcaligenes faecalis</i>	SC2-R2	4
<i>Alkaliphilus metalliredigens</i>	SC2-R2	1
<i>Alloactinosynnema sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Altererythrobacter ishigakiensis</i>	SC2-R2	1

<i>Amycolatopsis albispora</i>	SC2-R2	4
<i>Amycolatopsis sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Anaerococcus mediterraneensis</i>	SC2-R2	1
<i>Aquimarina sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	SC2-R2	4
<i>Arcanobacterium phocae</i>	SC2-R2	2
<i>Aromatoleum aromaticum</i>	SC2-R2	1
<i>Arsenicicoccus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Arthrobacter</i>	SC2-R2	4
<i>Arthrobacter alpinus</i>	SC2-R2	3
<i>Arthrobacter crystallopoietes</i>	SC2-R2	3
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R2	3
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Aurantimicrobium sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Auraticoccus monumenti</i>	SC2-R2	2
<i>Austwickia chelonae</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus</i>	SC2-R2	2
<i>Bacillus cellulosilyticus</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus cereus</i>	SC2-R2	11
<i>Bacillus ciccensis</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus foraminis</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus gobiensis</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus horikoshii</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus jeotgali</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus pseudofirmus</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus thuringiensis</i>	SC2-R2	1
<i>Bacillus xiamenensis</i>	SC2-R2	1

<i>Beutenbergia cavernae</i>	SC2-R2	1
<i>Bifidobacterium</i>	SC2-R2	2
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	SC2-R2	1
<i>Bifidobacterium animalis</i>	SC2-R2	1
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	SC2-R2	1
<i>Bifidobacterium choerinum</i>	SC2-R2	1
<i>Bifidobacterium kashiwanohense</i>	SC2-R2	1
<i>Bordetella</i>	SC2-R2	1
<i>Bordetella genomosp.</i>	SC2-R2	1
<i>Bosea sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Brachybacterium</i>	SC2-R2	4
<i>Brachybacterium faecium</i>	SC2-R2	2
<i>Brachybacterium ginsengisoli</i>	SC2-R2	3
<i>Brachybacterium saurashtrense</i>	SC2-R2	2
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC2-R2	4
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC2-R2	3
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Bradyrhizobium</i>	SC2-R2	1
<i>Brevibacterium</i>	SC2-R2	146
<i>Brevibacterium aurantiacum</i>	SC2-R2	100
<i>Brevibacterium linens</i>	SC2-R2	1003
<i>Brevibacterium sandarakinum</i>	SC2-R2	25
<i>Brevibacterium siliguriense</i>	SC2-R2	69
<i>Brevibacterium sp.</i>	SC2-R2	13
<i>Burkholderia sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Caldilinea aerophila</i>	SC2-R2	1
<i>Candidatus Phaeomarinobacter</i>	SC2-R2	1
<i>Candidatus Planktophila</i>	SC2-R2	1
<i>Candidatus Rhodoluna</i>	SC2-R2	1
<i>Carnobacterium</i>	SC2-R2	1
<i>Carnobacterium divergens</i>	SC2-R2	1

<i>Catenovulum sediminis</i>	SC2-R2	1
<i>Cellulomonas flavigena</i>	SC2-R2	1
<i>Cellulomonas gilvus</i>	SC2-R2	2
<i>Cellulomonas sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Cellulosimicrobium</i>	SC2-R2	1
<i>Christensenella sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Citricoccus</i>	SC2-R2	3
<i>Citrobacter</i>	SC2-R2	1
<i>Citrobacter freundii</i>	SC2-R2	1
<i>Citrobacter freundii</i>	SC2-R2	1
<i>Citrobacter portucalensis</i>	SC2-R2	1
<i>Cnuibacter physcomitrellae</i>	SC2-R2	1
<i>Cohnella sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Comamonas</i>	SC2-R2	1
<i>Corallococcus coralloides</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium</i>	SC2-R2	249
<i>Corynebacterium ammoniagenes</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium aquilae</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium argedoratense</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium camporealensis</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium casei</i>	SC2-R2	521
<i>Corynebacterium choanis</i>	SC2-R2	4
<i>Corynebacterium cystitidis</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium doosanense</i>	SC2-R2	6
<i>Corynebacterium efficiens</i>	SC2-R2	5
<i>Corynebacterium epidermidicantis</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium falsenii</i>	SC2-R2	12
<i>Corynebacterium flavescens</i>	SC2-R2	16
<i>Corynebacterium frankenforstense</i>	SC2-R2	7
<i>Corynebacterium genitalium</i>	SC2-R2	2

<i>Corynebacterium geronticis</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium glaucum</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium glyciniphilum</i>	SC2-R2	350
<i>Corynebacterium halotolerans</i>	SC2-R2	3
<i>Corynebacterium humireducens</i>	SC2-R2	4
<i>Corynebacterium imitans</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	SC2-R2	8
<i>Corynebacterium kroppenstedtii</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium lactis</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium marinum</i>	SC2-R2	5
<i>Corynebacterium matruchotii</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium mustelae</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium mycetoides</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium provencense</i>	SC2-R2	30
<i>Corynebacterium resistens</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium riegelii</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium segmentosum</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium simulans</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium singulare</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium sphenisci</i>	SC2-R2	5
<i>Corynebacterium stationis</i>	SC2-R2	18
<i>Corynebacterium striatum</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium terpenotabidum</i>	SC2-R2	43
<i>Corynebacterium testudinoris</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium timonense</i>	SC2-R2	1

<i>Corynebacterium ulcerans</i>	SC2-R2	1
<i>Corynebacterium urealyticum</i>	SC2-R2	6
<i>Corynebacterium ureicelerivorans</i>	SC2-R2	2
<i>Corynebacterium variabile</i>	SC2-R2	5651
<i>Corynebacterium vitaeruminis</i>	SC2-R2	11
<i>Corynebacterium xerosis</i>	SC2-R2	9
<i>Cryobacterium</i>	SC2-R2	1
<i>Cryobacterium arcticum</i>	SC2-R2	1
<i>Cryobacterium sp.</i>	SC2-R2	3
<i>Cupriavidus</i>	SC2-R2	1
<i>Cupriavidus taiwanensis</i>	SC2-R2	2
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Cutibacterium acnes</i>	SC2-R2	6
<i>Cutibacterium avidum</i>	SC2-R2	7
<i>Cutibacterium avidum</i>	SC2-R2	2
<i>Dermacoccus nishinomiyaensis</i>	SC2-R2	1
<i>Dietzia lutea</i>	SC2-R2	1
<i>Dietzia sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Dietzia timorensis</i>	SC2-R2	1
<i>Egicoccus halophilus</i>	SC2-R2	1
<i>Enterobacter</i>	SC2-R2	24
<i>Enterobacter asburiae</i>	SC2-R2	5
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC2-R2	11
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC2-R2	1
<i>Enterobacter hormaechei</i>	SC2-R2	1
<i>Enterobacter kobei</i>	SC2-R2	1
<i>Enterobacter ludwigii</i>	SC2-R2	1
<i>Enterobacter soli</i>	SC2-R2	2
<i>Enterobacter sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Enterococcus</i>	SC2-R2	5

<i>Enterococcus avium</i>	SC2-R2	3
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	SC2-R2	1
<i>Enterococcus cecorum</i>	SC2-R2	4
<i>Enterococcus durans</i>	SC2-R2	2
<i>Enterococcus faecalis</i>	SC2-R2	9
<i>Enterococcus faecalis</i>	SC2-R2	1
<i>Enterococcus faecium</i>	SC2-R2	10
<i>Enterococcus gilvus</i>	SC2-R2	12
<i>Enterococcus hirae</i>	SC2-R2	2
<i>Enterococcus mundtii</i>	SC2-R2	3
<i>Enterococcus sp.</i>	SC2-R2	9
<i>Enterococcus sp.</i>	SC2-R2	4
<i>Enterococcus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Enterococcus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Enterococcus thailandicus</i>	SC2-R2	1
<i>Erwinia billingiae</i>	SC2-R2	1
<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>	SC2-R2	1
<i>Escherichia coli</i>	SC2-R2	1
<i>Ferrimonas balearica</i>	SC2-R2	1
<i>Flammeovirga sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Flaviflexus salsibiostraticola</i>	SC2-R2	5
<i>Flaviflexus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Frankia casuarinae</i>	SC2-R2	1
<i>Friedmanniella luteola</i>	SC2-R2	1
<i>Friedmanniella sagamiharensis</i>	SC2-R2	2
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	SC2-R2	1
<i>Gemmata obscuriglobus</i>	SC2-R2	1
<i>Georgenia sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Georgenia sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Glaesserella parasuis</i>	SC2-R2	1
<i>Glutamicibacter arilaitensis</i>	SC2-R2	4

<i>Glutamicibacter creatinolyticus</i>	SC2-R2	1
<i>Gordonia</i>	SC2-R2	1
<i>Gordonia phthalatica</i>	SC2-R2	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Gordonia sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Gordonia terrae</i>	SC2-R2	2
<i>Gordonibacter massiliensis</i>	SC2-R2	1
<i>Halorhodospira halophila</i>	SC2-R2	1
<i>Hirschia baltica</i>	SC2-R2	1
<i>Humibacter sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Hydrogenophaga sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Hyphomicrobium denitrificans</i>	SC2-R2	1
<i>Isoptericola variabilis</i>	SC2-R2	1
<i>Janthinobacterium agaricidamnosum</i>	SC2-R2	13
<i>Jatrophihabitans sp.</i>	SC2-R2	3
<i>Jeotgalibaca dankookensis</i>	SC2-R2	3
<i>Jeotgalibaca sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Jiangella sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Jonesia denitrificans</i>	SC2-R2	1
<i>Kitasatospora albolonga</i>	SC2-R2	2
<i>Kitasatospora setae</i>	SC2-R2	1
<i>Klebsiella</i>	SC2-R2	3
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	SC2-R2	1
<i>Klebsiella sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Kocuria</i>	SC2-R2	7
<i>Kocuria flava</i>	SC2-R2	4
<i>Kocuria indica</i>	SC2-R2	3
<i>Kocuria palustris</i>	SC2-R2	5
<i>Kocuria rosea</i>	SC2-R2	6

<i>Kocuria sp.</i>	SC2-R2	3
<i>Kocuria turfanensis</i>	SC2-R2	1
<i>Kribbella flavida</i>	SC2-R2	2
<i>Kytococcus sedentarius</i>	SC2-R2	15
<i>Lachnoclostridium</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus</i>	SC2-R2	614
<i>Lactobacillus acetotolerans</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus acidipiscis</i>	SC2-R2	47
<i>Lactobacillus agilis</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus alimentarius</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus allii</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus amylolyticus</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus amylophilus</i>	SC2-R2	7
<i>Lactobacillus animalis</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus apis</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus backii</i>	SC2-R2	5
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC2-R2	150
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC2-R2	8
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus casei</i>	SC2-R2	29
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC2-R2	2
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus crustorum</i>	SC2-R2	4
<i>Lactobacillus curvatus</i>	SC2-R2	25
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC2-R2	2
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus farciminis</i>	SC2-R2	60
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC2-R2	8
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC2-R2	1

<i>Lactobacillus gallinarum</i>	SC2-R2	3
<i>Lactobacillus ginsenosidimutans</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus heilongjiangensis</i>	SC2-R2	3
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC2-R2	2
<i>Lactobacillus hokkaidonensis</i>	SC2-R2	2
<i>Lactobacillus hordei</i>	SC2-R2	4
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	SC2-R2	2
<i>Lactobacillus kefiranofaciens</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus koreensis</i>	SC2-R2	7
<i>Lactobacillus parabuchneri</i>	SC2-R2	3
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC2-R2	18
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	SC2-R2	3
<i>Lactobacillus parapantarum</i>	SC2-R2	546
<i>Lactobacillus pentosus</i>	SC2-R2	5
<i>Lactobacillus pentosus</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R2	276
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R2	6
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R2	5
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R2	3
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R2	2
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	SC2-R2	3
<i>Lactobacillus sakei</i>	SC2-R2	2
<i>Lactobacillus salivarius</i>	SC2-R2	6
<i>Lactobacillus salivarius</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus salivarius</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	SC2-R2	1
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Lactobacillus terrae</i>	SC2-R2	1

<i>Lactobacillus zymae</i>	SC2-R2	1
<i>Lactococcus</i>	SC2-R2	2
<i>Lactococcus garvieae</i>	SC2-R2	53
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R2	107
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R2	20
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R2	7
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R2	4
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R2	1
<i>Lactococcus lactis</i>	SC2-R2	1
<i>Lactococcus piscium</i>	SC2-R2	1
<i>Lactococcus raffinolactis</i>	SC2-R2	1
<i>Leifsonia</i>	SC2-R2	1
<i>Leifsonia xyli</i>	SC2-R2	1
<i>Lelliottia jeotgali</i>	SC2-R2	2
<i>Leucobacter sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Leucobacter triazinivorans</i>	SC2-R2	2
<i>Leuconostoc</i>	SC2-R2	5
<i>Leuconostoc carnosum</i>	SC2-R2	1
<i>Leuconostoc citreum</i>	SC2-R2	5
<i>Leuconostoc gelidum</i>	SC2-R2	1
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC2-R2	3
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC2-R2	2
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC2-R2	18
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC2-R2	8
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC2-R2	7
<i>Listeria</i>	SC2-R2	1
<i>Listeria grayi</i>	SC2-R2	1
<i>Listeria monocytogenes</i>	SC2-R2	1
<i>Luteipulveratus mongoliensis</i>	SC2-R2	1
<i>Lysinibacillus</i>	SC2-R2	1
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	SC2-R2	1

<i>Lysinimonas sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Mariniflexile sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Marinilactibacillus sp.</i>	SC2-R2	12
<i>Marinithermus hydrothermalis</i>	SC2-R2	1
<i>Marmoricola scoriae</i>	SC2-R2	1
<i>Melissococcus plutonius</i>	SC2-R2	2
<i>Mesorhizobium</i>	SC2-R2	1
<i>Methanofollis liminatans</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium</i>	SC2-R2	2
<i>Microbacterium foliorum</i>	SC2-R2	3
<i>Microbacterium oleivorans</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium oxydans</i>	SC2-R2	16
<i>Microbacterium paludicola</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium pygmaeum</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium sediminis</i>	SC2-R2	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Microbacterium testaceum</i>	SC2-R2	1
<i>Micrococcus</i>	SC2-R2	2
<i>Micrococcus luteus</i>	SC2-R2	2
<i>Micrococcus phosphovorans</i>	SC2-R2	1
<i>Micrococcus soli</i>	SC2-R2	1
<i>Micromonospora auratinigra</i>	SC2-R2	1
<i>Micromonospora echinofusca</i>	SC2-R2	1
<i>Micromonospora inositola</i>	SC2-R2	1

<i>Micropruina glycogenica</i>	SC2-R2	1
<i>Microterricola viridarii</i>	SC2-R2	2
<i>Miniimonas sp.</i>	SC2-R2	3
<i>Mycobacterium</i>	SC2-R2	2
<i>Mycobacterium avium</i>	SC2-R2	1
<i>Mycobacterium dioxanotrophicus</i>	SC2-R2	1
<i>Mycobacterium paragordoniae</i>	SC2-R2	1
<i>Mycobacterium sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Mycobacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Mycobacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Mycolicibacterium chitae</i>	SC2-R2	1
<i>Mycolicibacterium chubuense</i>	SC2-R2	1
<i>Mycolicibacterium flavescens</i>	SC2-R2	1
<i>Mycolicibacterium gilvum</i>	SC2-R2	1
<i>Mycolicibacterium goodii</i>	SC2-R2	1
<i>Mycolicibacterium rutilum</i>	SC2-R2	1
<i>Mycolicibacterium thermoresistibile</i>	SC2-R2	1
<i>Neisseria sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Neomicrococcus aestuarii</i>	SC2-R2	2
<i>Nesterenkonia sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardia brasiliensis</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardia cyriacigeorgica</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardia nova</i>	SC2-R2	2
<i>Nocardia sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardioides</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardioides daphniae</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardioides dokdonensis</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardioides sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardioides sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardioides sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Nocardioides sp.</i>	SC2-R2	1

<i>Nocardiopsis dassonvillei</i>	SC2-R2	2
<i>Nonomuraea sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Novibacillus thermophilus</i>	SC2-R2	1
<i>Oenococcus kitaharae</i>	SC2-R2	1
<i>Oenococcus oeni</i>	SC2-R2	1
<i>Ornithinimicrobium flavum</i>	SC2-R2	1
<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Paenarthrobacter aurescens</i>	SC2-R2	1
<i>Paenibacillus</i>	SC2-R2	1
<i>Paenibacillus lentus</i>	SC2-R2	1
<i>Paludisphaera borealis</i>	SC2-R2	1
<i>Pandoraea sputorum</i>	SC2-R2	1
<i>Paraliobacillus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Parvimonas micra</i>	SC2-R2	1
<i>Pasteurella multocida</i>	SC2-R2	1
<i>Pediococcus acidilactici</i>	SC2-R2	5
<i>Pediococcus damnosus</i>	SC2-R2	2
<i>Pediococcus inopinatus</i>	SC2-R2	2
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	SC2-R2	1
<i>Pedobacter steynii</i>	SC2-R2	1
<i>Phaeobacter inhibens</i>	SC2-R2	1
<i>Planctomycetes bacterium</i>	SC2-R2	1
<i>Plantibacter</i>	SC2-R2	1
<i>Plantibacter sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Pontimonas salivibrio</i>	SC2-R2	1
<i>Propionibacterium acidifaciens</i>	SC2-R2	1
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC2-R2	60
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC2-R2	1
<i>Proteus vulgaris</i>	SC2-R2	1
<i>Providencia stuartii</i>	SC2-R2	1

<i>Pseudarthrobacter</i>	SC2-R2	2
<i>Pseudarthrobacter chlorophenicus</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudarthrobacter equi</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudarthrobacter phenanthrenivorans</i>	SC2-R2	2
<i>Pseudoalteromonas</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudomonas</i>	SC2-R2	5
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	SC2-R2	4
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	SC2-R2	4
<i>Pseudomonas frederiksbergensis</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudomonas prosekii</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudomonas stutzeri</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudomonas tolaasii</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudonocardia autotrophica</i>	SC2-R2	1
<i>Pseudonocardia sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Pseudopropionibacterium propionicum</i>	SC2-R2	1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	SC2-R2	1
<i>Rathayibacter iranicus</i>	SC2-R2	1
<i>Rathayibacter rathayi</i>	SC2-R2	1
<i>Rathayibacter toxicus</i>	SC2-R2	1
<i>Rathayibacter tritici</i>	SC2-R2	1
<i>Rhizobium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Rhodococcus</i>	SC2-R2	5
<i>Rhodococcus coprophilus</i>	SC2-R2	1
<i>Rhodococcus erythropolis</i>	SC2-R2	1
<i>Rhodococcus hoagii</i>	SC2-R2	1
<i>Rhodococcus opacus</i>	SC2-R2	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Roseibacterium elongatum</i>	SC2-R2	1

<i>Roseovarius</i>	SC2-R2	1
<i>Rothia mucilaginosa</i>	SC2-R2	3
<i>Rubrobacter radiotolerans</i>	SC2-R2	1
<i>Saccharomonospora azurea</i>	SC2-R2	1
<i>Saccharomonospora cyanea</i>	SC2-R2	1
<i>Saccharopolyspora erythraea</i>	SC2-R2	1
<i>Salinicoccus halodurans</i>	SC2-R2	1
<i>Salinispota tropica</i>	SC2-R2	2
<i>Salmonella enterica</i>	SC2-R2	1
<i>Schaalia cardiffensis</i>	SC2-R2	4
<i>Schaalia radingae</i>	SC2-R2	4
<i>Serinicoccus</i>	SC2-R2	1
<i>Serinicoccus chungangensis</i>	SC2-R2	1
<i>Serinicoccus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Serratia</i>	SC2-R2	1
<i>Serratia marcescens</i>	SC2-R2	1
<i>Shewanella baltica</i>	SC2-R2	1
<i>Sinorhizobium meliloti</i>	SC2-R2	1
<i>Sorangium cellulosum</i>	SC2-R2	1
<i>Sporosarcina sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Staphylococcus</i>	SC2-R2	71
<i>Staphylococcus agnetis</i>	SC2-R2	6
<i>Staphylococcus aureus</i>	SC2-R2	208
<i>Staphylococcus caprae</i>	SC2-R2	1
<i>Staphylococcus carnosus</i>	SC2-R2	2
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	SC2-R2	4
<i>Staphylococcus cohnii</i>	SC2-R2	2
<i>Staphylococcus condimentii</i>	SC2-R2	1
<i>Staphylococcus equorum</i>	SC2-R2	17
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	SC2-R2	5
<i>Staphylococcus hominis</i>	SC2-R2	4

<i>Staphylococcus hyicus</i>	SC2-R2	13
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	SC2-R2	1
<i>Staphylococcus muscae</i>	SC2-R2	1
<i>Staphylococcus nepalensis</i>	SC2-R2	16
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	SC2-R2	681
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	SC2-R2	3
<i>Staphylococcus schleiferi</i>	SC2-R2	2
<i>Staphylococcus sciuri</i>	SC2-R2	4
<i>Staphylococcus stepanovicii</i>	SC2-R2	1
<i>Staphylococcus succinus</i>	SC2-R2	2
<i>Staphylococcus xylosus</i>	SC2-R2	42
<i>Stenotrophomonas</i>	SC2-R2	1
<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	SC2-R2	1
<i>Stenotrophomonas sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptacidiphilus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus</i>	SC2-R2	97
<i>Streptococcus australis</i>	SC2-R2	2
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	SC2-R2	3
<i>Streptococcus equinus</i>	SC2-R2	6
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC2-R2	2
<i>Streptococcus halotolerans</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus infantarius</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus oralis</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC2-R2	20
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC2-R2	5
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC2-R2	3
<i>Streptococcus sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Streptococcus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus suis</i>	SC2-R2	1

<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC2-R2	31
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus urinalis</i>	SC2-R2	1
<i>Streptococcus vestibularis</i>	SC2-R2	7
<i>Streptomyces</i>	SC2-R2	9
<i>Streptomyces albulus</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces atratus</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces dengpaensis</i>	SC2-R2	2
<i>Streptomyces fulvissimus</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces griseochromogenes</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces lincolnensis</i>	SC2-R2	2
<i>Streptomyces lunaelactis</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces lydicus</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces nigra</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces noursei</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces pluripotens</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces pristinaespiralis</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces reticuli</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces rimosus</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	3
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces spongiicola</i>	SC2-R2	1
<i>Streptomyces vietnamensis</i>	SC2-R2	1

<i>Streptomyces violaceoruber</i>	SC2-R2	1
<i>Synechococcus</i>	SC2-R2	2
<i>Terasakiella sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Tessaracoccus</i>	SC2-R2	1
<i>Tessaracoccus aquimaris</i>	SC2-R2	2
<i>Tessaracoccus flavescens</i>	SC2-R2	1
<i>Tessaracoccus flavus</i>	SC2-R2	1
<i>Tessaracoccus timonensis</i>	SC2-R2	8
<i>Tetragenococcus</i>	SC2-R2	4
<i>Tetragenococcus halophilus</i>	SC2-R2	25
<i>Tetragenococcus halophilus</i>	SC2-R2	2
<i>Thermobifida fusca</i>	SC2-R2	1
<i>Thermobispora bispora</i>	SC2-R2	2
<i>Thermosipho</i>	SC2-R2	1
<i>Trueperella bialowiezensis</i>	SC2-R2	1
<i>Trueperella pyogenes</i>	SC2-R2	5
<i>Tsukamurella paurometabola</i>	SC2-R2	1
<i>Tsukamurella paurometabola</i>	SC2-R2	1
<i>Vagococcus penaei</i>	SC2-R2	1
<i>Vagococcus teuberi</i>	SC2-R2	1
<i>Verrucomicrobia bacterium</i>	SC2-R2	1
<i>Verrucosispora maris</i>	SC2-R2	2
<i>Vibrio owensii</i>	SC2-R2	1
<i>Vibrio rotiferianus</i>	SC2-R2	1
<i>Virgibacillus necropolis</i>	SC2-R2	1
<i>Virgibacillus sp.</i>	SC2-R2	2
<i>Weissella</i>	SC2-R2	211
<i>Weissella cibaria</i>	SC2-R2	15
<i>Weissella confusa</i>	SC2-R2	6
<i>Weissella hellenica</i>	SC2-R2	31
<i>Weissella jogaejeotgali</i>	SC2-R2	5971

<i>Weissella paramesenteroides</i>	SC2-R2	82
<i>Weissella soli</i>	SC2-R2	1
<i>Weissella viridescens</i>	SC2-R2	4
<i>Xanthomonas campestris</i>	SC2-R2	1
<i>Xylanibacterium sp.</i>	SC2-R2	1
<i>Achromobacter</i>	SC3-R1	1
<i>Acidipropionibacterium</i>	SC3-R1	5
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC3-R1	72
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC3-R1	3
<i>Acidipropionibacterium jensenii</i>	SC3-R1	7
<i>Acidipropionibacterium virtanenii</i>	SC3-R1	3
<i>Acinetobacter</i>	SC3-R1	1
<i>Acinetobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Acinetobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Acinetobacter ursingii</i>	SC3-R1	6
<i>Actinoalloteichus sp.</i>	SC3-R1	59
<i>Actinomadura sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Actinomyces hongkongensis</i>	SC3-R1	1
<i>Actinomyces radidentis</i>	SC3-R1	1
<i>Actinomyces slackii</i>	SC3-R1	1
<i>Actinomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Actinomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Actinoplanes sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Actinoplanes sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Actinopolymorpha singaporensis</i>	SC3-R1	1
<i>Actinosynnema</i>	SC3-R1	1
<i>Aeromicrobium erythreum</i>	SC3-R1	2
<i>Agrococcus jejuensis</i>	SC3-R1	1
<i>Agromyces flavus</i>	SC3-R1	1
<i>Agromyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Agromyces sp.</i>	SC3-R1	1

<i>Alcaligenes faecalis</i>	SC3-R1	22
<i>Alcanivorax sp.</i>	SC3-R1	5
<i>Altererythrobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Amycolatopsis</i>	SC3-R1	1
<i>Amycolatopsis japonica</i>	SC3-R1	2
<i>Amycolatopsis mediterranei</i>	SC3-R1	1
<i>Amycolatopsis orientalis</i>	SC3-R1	1
<i>Arsenicococcus sp.</i>	SC3-R1	3
<i>Arthrobacter</i>	SC3-R1	4
<i>Arthrobacter alpinus</i>	SC3-R1	2
<i>Arthrobacter crystallopoietes</i>	SC3-R1	5
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Aurantimicrobium</i>	SC3-R1	1
<i>Auritidibacter sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Azospirillum</i>	SC3-R1	1
<i>Azospirillum sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Bacillus cereus</i>	SC3-R1	155
<i>Bacillus cereus</i>	SC3-R1	11
<i>Bacillus flexus</i>	SC3-R1	1
<i>Bacillus pseudofirmus</i>	SC3-R1	1
<i>Bifidobacterium actinocoloniiforme</i>	SC3-R1	1
<i>Bosea vaviloviae</i>	SC3-R1	1
<i>Brachybacterium</i>	SC3-R1	27

<i>Brachybacterium faecium</i>	SC3-R1	31
<i>Brachybacterium ginsengisoli</i>	SC3-R1	41
<i>Brachybacterium saurashtrense</i>	SC3-R1	38
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC3-R1	42
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC3-R1	29
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC3-R1	19
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC3-R1	11
<i>Bradyrhizobium</i>	SC3-R1	1
<i>Brevibacterium</i>	SC3-R1	110
<i>Brevibacterium aurantiacum</i>	SC3-R1	156
<i>Brevibacterium linens</i>	SC3-R1	380
<i>Brevibacterium sandarakinum</i>	SC3-R1	70
<i>Brevibacterium siliguriense</i>	SC3-R1	47
<i>Brevibacterium sp.</i>	SC3-R1	17
<i>Burkholderia</i>	SC3-R1	2
<i>Burkholderia cepacia</i>	SC3-R1	1
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	SC3-R1	1
<i>Carnobacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Catenulispora acidiphila</i>	SC3-R1	1
<i>Caulobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Celeribacter manganoxidans</i>	SC3-R1	1
<i>Cellulomonas fimi</i>	SC3-R1	1
<i>Cellulomonas flavigena</i>	SC3-R1	1
<i>Cellulosimicrobium</i>	SC3-R1	2
<i>Cellulosimicrobium cellulans</i>	SC3-R1	1
<i>Chryseolinea sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Citricoccus</i>	SC3-R1	1
<i>Clavibacter michiganensis</i>	SC3-R1	1
<i>Clavibacter michiganensis</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium</i>	SC3-R1	428
<i>Corynebacterium ammoniagenes</i>	SC3-R1	1

<i>Corynebacterium aquilae</i>	SC3-R1	2
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	SC3-R1	3
<i>Corynebacterium callunae</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium camporealensis</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium casei</i>	SC3-R1	272
<i>Corynebacterium choanis</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium crudilactis</i>	SC3-R1	8
<i>Corynebacterium deserti</i>	SC3-R1	2
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	SC3-R1	3
<i>Corynebacterium doosanense</i>	SC3-R1	3
<i>Corynebacterium efficiens</i>	SC3-R1	4
<i>Corynebacterium flavescens</i>	SC3-R1	3561
<i>Corynebacterium frankenforstense</i>	SC3-R1	2
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	SC3-R1	6
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium glyciniphilum</i>	SC3-R1	25
<i>Corynebacterium humireducens</i>	SC3-R1	3
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	SC3-R1	4
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	SC3-R1	2
<i>Corynebacterium kroppenstedtii</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium lactis</i>	SC3-R1	4
<i>Corynebacterium maris</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium matruchotii</i>	SC3-R1	3
<i>Corynebacterium provencense</i>	SC3-R1	16
<i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium resistens</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium singulare</i>	SC3-R1	20
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium sp.</i>	SC3-R1	1

<i>Corynebacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium sphenisci</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium stationis</i>	SC3-R1	4
<i>Corynebacterium striatum</i>	SC3-R1	5
<i>Corynebacterium terpenotabidum</i>	SC3-R1	51
<i>Corynebacterium testudinoris</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium ureicelerivorans</i>	SC3-R1	2
<i>Corynebacterium uterequi</i>	SC3-R1	1
<i>Corynebacterium variabile</i>	SC3-R1	10716
<i>Corynebacterium vitaeruminis</i>	SC3-R1	11
<i>Corynebacterium xerosis</i>	SC3-R1	1
<i>Cronobacter universalis</i>	SC3-R1	1
<i>Cryobacterium</i>	SC3-R1	1
<i>Cryobacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Curtobacterium</i>	SC3-R1	1
<i>Curtobacterium pusillum</i>	SC3-R1	2
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Cutibacterium acnes</i>	SC3-R1	2
<i>Dermacoccus nishinomiyaensis</i>	SC3-R1	2
<i>Dermatophilus congolensis</i>	SC3-R1	1
<i>Dickeya fangzhongdai</i>	SC3-R1	1
<i>Dietzia psychralcaliphila</i>	SC3-R1	1
<i>Dietzia timorensis</i>	SC3-R1	3
<i>Egicoccus halophilus</i>	SC3-R1	1
<i>Enterobacter</i>	SC3-R1	1
<i>Enterococcus</i>	SC3-R1	2
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	SC3-R1	1
<i>Enterococcus durans</i>	SC3-R1	1
<i>Enterococcus faecalis</i>	SC3-R1	47
<i>Enterococcus faecium</i>	SC3-R1	4

<i>Enterococcus sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Exiguobacterium mexicanum</i>	SC3-R1	1
<i>Fictibacillus arsenicus</i>	SC3-R1	1
<i>Flaviflexus salsibiostraticola</i>	SC3-R1	2
<i>Frankia sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Frankia symbiont</i>	SC3-R1	1
<i>Fusobacterium mortiferum</i>	SC3-R1	1
<i>Gardnerella vaginalis</i>	SC3-R1	1
<i>Geodermatophilus obscurus</i>	SC3-R1	1
<i>Georgenia sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Georgenia sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Glutamicibacter arilaitensis</i>	SC3-R1	1
<i>Glutamicibacter creatinolyticus</i>	SC3-R1	8
<i>Glutamicibacter halophytocola</i>	SC3-R1	1
<i>Gordonia</i>	SC3-R1	1
<i>Gordonia alkanivorans</i>	SC3-R1	1
<i>Gordonia bronchialis</i>	SC3-R1	1
<i>Gordonia iterans</i>	SC3-R1	1
<i>Gordonia rubripertincta</i>	SC3-R1	2
<i>Gordonia sp.</i>	SC3-R1	3
<i>Gordonia sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Gryllotalpicola sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Halomonas beimenensis</i>	SC3-R1	1
<i>Halomonas sp.</i>	SC3-R1	6
<i>Humibacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Hungateiclostridium clariflavum</i>	SC3-R1	1
<i>Hydrogenophaga sp.</i>	SC3-R1	3
<i>Janibacter limosus</i>	SC3-R1	3
<i>Janthinobacterium agaricidamnosum</i>	SC3-R1	1
<i>Jiangella sp.</i>	SC3-R1	1

<i>Jonesia denitrificans</i>	SC3-R1	1
<i>Kibdelosporangium phytohabitans</i>	SC3-R1	1
<i>Kineococcus radiotolerans</i>	SC3-R1	2
<i>Kitasatospora setae</i>	SC3-R1	1
<i>Klebsiella</i>	SC3-R1	5
<i>Klebsiella aerogenes</i>	SC3-R1	1
<i>Klebsiella oxytoca</i>	SC3-R1	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	SC3-R1	1
<i>Kocuria</i>	SC3-R1	5
<i>Kocuria flava</i>	SC3-R1	6
<i>Kocuria palustris</i>	SC3-R1	4
<i>Kocuria rosea</i>	SC3-R1	2
<i>Kocuria sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Kocuria turfanensis</i>	SC3-R1	1
<i>Kushneria marisflavi</i>	SC3-R1	1
<i>Kytococcus sedentarius</i>	SC3-R1	2
<i>Lactobacillus</i>	SC3-R1	272
<i>Lactobacillus amylolyticus</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus amylovorus</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus backii</i>	SC3-R1	3
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC3-R1	148
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC3-R1	4
<i>Lactobacillus casei</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus curieae</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus curvatus</i>	SC3-R1	13
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC3-R1	5
<i>Lactobacillus gallinarum</i>	SC3-R1	6
<i>Lactobacillus gasseri</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC3-R1	3
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC3-R1	1

<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	SC3-R1	2
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R1	84
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R1	1
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	SC3-R1	5
<i>Lactobacillus sakei</i>	SC3-R1	2
<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	SC3-R1	1
<i>Lactococcus</i>	SC3-R1	49
<i>Lactococcus garvieae</i>	SC3-R1	10
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	1683
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	225
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	51
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	11
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	7
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	7
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	4
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	1
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	1
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R1	1
<i>Lawsonella clevelandensis</i>	SC3-R1	1
<i>Leclercia</i>	SC3-R1	4
<i>Leclercia adecarboxylata</i>	SC3-R1	2
<i>Leifsonia</i>	SC3-R1	1
<i>Leifsonia xyli</i>	SC3-R1	2
<i>Leifsonia xyli</i>	SC3-R1	1
<i>Leisingera methylohalidivorans</i>	SC3-R1	1
<i>Leptolyngbya sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Leucobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Leucobacter triazinivorans</i>	SC3-R1	5

<i>Leuconostoc</i>	SC3-R1	47
<i>Leuconostoc carnosum</i>	SC3-R1	1
<i>Leuconostoc citreum</i>	SC3-R1	4
<i>Leuconostoc citreum</i>	SC3-R1	3
<i>Leuconostoc garlicum</i>	SC3-R1	1
<i>Leuconostoc gelidum</i>	SC3-R1	1
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC3-R1	1
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC3-R1	1
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R1	122
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R1	14
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R1	4
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R1	1
<i>Leuconostoc suionicum</i>	SC3-R1	2
<i>Luteimonas sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Luteipulveratus mongoliensis</i>	SC3-R1	3
<i>Lysinimonas sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Marinilactibacillus sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Marivirga tractuosa</i>	SC3-R1	2
<i>Marmoricola scoriae</i>	SC3-R1	2
<i>Mesorhizobium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Methylobacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Micavibrio aeruginosavorus</i>	SC3-R1	2
<i>Microbacterium</i>	SC3-R1	14
<i>Microbacterium foliorum</i>	SC3-R1	2
<i>Microbacterium hominis</i>	SC3-R1	2
<i>Microbacterium lemovicicum</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium oleivorans</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium oxydans</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium paludicola</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium pygmaeum</i>	SC3-R1	2
<i>Microbacterium sediminis</i>	SC3-R1	4

<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	3
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Microcella alkaliphila</i>	SC3-R1	1
<i>Micrococcus</i>	SC3-R1	2
<i>Micrococcus luteus</i>	SC3-R1	4
<i>Micrococcus phosphovorans</i>	SC3-R1	2
<i>Micrococcus soli</i>	SC3-R1	2
<i>Micrococcus sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Micromonospora echinaurantiaca</i>	SC3-R1	1
<i>Micromonospora inositola</i>	SC3-R1	1
<i>Micromonospora tulbaghia</i>	SC3-R1	1
<i>Microterricola viridarii</i>	SC3-R1	2
<i>Miniimonas sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Mycetocola sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Mycobacterium avium</i>	SC3-R1	1
<i>Mycobacterium dioxanotrophicus</i>	SC3-R1	1
<i>Mycobacterium marseillense</i>	SC3-R1	2
<i>Mycobacterium paragordoniae</i>	SC3-R1	1
<i>Mycobacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Mycobacteroides abscessus</i>	SC3-R1	1
<i>Mycolicibacterium</i>	SC3-R1	2
<i>Mycolicibacterium gilvum</i>	SC3-R1	1
<i>Mycolicibacterium smegmatis</i>	SC3-R1	1

<i>Mycolicibacterium thermoresistibile</i>	SC3-R1	1
<i>Mycolicibacterium vaccae</i>	SC3-R1	1
<i>Mycoplasma</i>	SC3-R1	1
<i>Nakamurella multipartita</i>	SC3-R1	1
<i>Natrinema versiforme</i>	SC3-R1	1
<i>Neisseria</i>	SC3-R1	1
<i>Neomicrococcus aestuarii</i>	SC3-R1	1
<i>Nesterenkonia sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardia brasiliensis</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardia cyriacigeorgica</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardia cyriacigeorgica</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardia otitidiscaviarum</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardia sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardia sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardioides daphniae</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardioides dokdonensis</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardioides humi</i>	SC3-R1	2
<i>Nocardioides sp.</i>	SC3-R1	3
<i>Nocardioides sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Nocardioides sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Nocardioides sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Nocardioides sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardioides sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardioides sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Nocardiopsis alba</i>	SC3-R1	5
<i>Nodularia spumigena</i>	SC3-R1	1
<i>Nonomuraea sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Ochrobactrum anthropi</i>	SC3-R1	1
<i>Oerskovia sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC3-R1	2

<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Paenibacillus borealis</i>	SC3-R1	1
<i>Paraburkholderia phytofirmans</i>	SC3-R1	1
<i>Pediococcus acidilactici</i>	SC3-R1	1
<i>Pediococcus damnosus</i>	SC3-R1	2
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	SC3-R1	3
<i>Phycococcus dokdonensis</i>	SC3-R1	1
<i>Prauserella marina</i>	SC3-R1	3
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudarthrobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudarthrobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudomonas</i>	SC3-R1	10
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudomonas putida</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC3-R1	3
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudomonas sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudomonas synxantha</i>	SC3-R1	1
<i>Pseudonocardia</i>	SC3-R1	1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	SC3-R1	3
<i>Raoultella</i>	SC3-R1	7
<i>Raoultella ornithinolytica</i>	SC3-R1	1
<i>Rathayibacter rathayi</i>	SC3-R1	1
<i>Rathayibacter tritici</i>	SC3-R1	1
<i>Rhodobacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Rhodococcus</i>	SC3-R1	2
<i>Rhodococcus hoagii</i>	SC3-R1	1
<i>Rhodococcus opacus</i>	SC3-R1	1
<i>Rhodococcus rhodochrous</i>	SC3-R1	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC3-R1	3

<i>Rhodococcus sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Rhodopseudomonas palustris</i>	SC3-R1	1
<i>Rothia mucilaginosa</i>	SC3-R1	1
<i>Rubrobacter xylanophilus</i>	SC3-R1	1
<i>Rufibacter sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Saccharomonospora azurea</i>	SC3-R1	2
<i>Saccharothrix espanaensis</i>	SC3-R1	1
<i>Salinibacterium sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Salinibacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Sanguibacter keddieii</i>	SC3-R1	1
<i>Scardovia inopinata</i>	SC3-R1	1
<i>Schaalia odontolytica</i>	SC3-R1	1
<i>Serinicoccus chungangensis</i>	SC3-R1	1
<i>Serratia</i>	SC3-R1	1
<i>Serratia marcescens</i>	SC3-R1	1
<i>Sinomonas atrocyanea</i>	SC3-R1	1
<i>Sphingomonas</i>	SC3-R1	1
<i>Spirosoma pollinicola</i>	SC3-R1	1
<i>Staphylococcus</i>	SC3-R1	15
<i>Staphylococcus aureus</i>	SC3-R1	33
<i>Staphylococcus equorum</i>	SC3-R1	1
<i>Staphylococcus nepalensis</i>	SC3-R1	1
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	SC3-R1	120
<i>Staphylococcus sciuri</i>	SC3-R1	95
<i>Staphylococcus sciuri</i>	SC3-R1	4
<i>Staphylococcus xylosus</i>	SC3-R1	1
<i>Stella vacuolata</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus</i>	SC3-R1	154
<i>Streptococcus agalactiae</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus anginosus</i>	SC3-R1	1

<i>Streptococcus canis</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus equi</i>	SC3-R1	2
<i>Streptococcus equinus</i>	SC3-R1	5
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC3-R1	3
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC3-R1	3
<i>Streptococcus halotolerans</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus infantarius</i>	SC3-R1	273
<i>Streptococcus infantarius</i>	SC3-R1	2
<i>Streptococcus lutetiensis</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus lutetiensis</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus macedonicus</i>	SC3-R1	4
<i>Streptococcus mitis</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus pasteurianus</i>	SC3-R1	3
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R1	3
<i>Streptococcus suis</i>	SC3-R1	2
<i>Streptococcus suis</i>	SC3-R1	1
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R1	12
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R1	6
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomonospora sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces</i>	SC3-R1	14
<i>Streptomyces albireticuli</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces albulus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces albus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces ambofaciens</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces atratus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces cattleya</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces clavuligerus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces collinus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces fungicidicus</i>	SC3-R1	1

<i>Streptomyces griseorubiginosus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces leeuwenhoekii</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces lydicus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces niveus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces parvulus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces peucetius</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces roseochromogenus</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	2
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Streptomyces xiamenensis</i>	SC3-R1	1
<i>Streptosporangium roseum</i>	SC3-R1	1
<i>Streptosporangium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Tessaracoccus flavescens</i>	SC3-R1	2
<i>Tessaracoccus sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Trueperella bialowiezensis</i>	SC3-R1	1
<i>Tsukamurella paurometabola</i>	SC3-R1	1
<i>Xylanibacterium sp.</i>	SC3-R1	1
<i>Acholeplasma laidlawii</i>	SC3-R2	1
<i>Achromobacter</i>	SC3-R2	1
<i>Achromobacter spanius</i>	SC3-R2	1
<i>Acidipropionibacterium</i>	SC3-R2	229

<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC3-R2	4446
<i>Acidipropionibacterium acidipropionici</i>	SC3-R2	123
<i>Acidipropionibacterium jensenii</i>	SC3-R2	34
<i>Acidipropionibacterium virtanenii</i>	SC3-R2	41
<i>Acidovorax</i>	SC3-R2	1
<i>Acidovorax sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Acinetobacter</i>	SC3-R2	2
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	SC3-R2	1
<i>Acinetobacter soli</i>	SC3-R2	1
<i>Acinetobacter ursingii</i>	SC3-R2	9
<i>Acinetobacter wuhouensis</i>	SC3-R2	1
<i>Actinoalloteichus sp.</i>	SC3-R2	49
<i>Actinobaculum sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Actinomyces</i>	SC3-R2	1
<i>Actinomyces israelii</i>	SC3-R2	1
<i>Actinomyces pacaensis</i>	SC3-R2	2
<i>Actinomyces radidentis</i>	SC3-R2	8
<i>Actinomyces slackii</i>	SC3-R2	1
<i>Actinomyces sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Actinomyces sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Actinoplanes</i>	SC3-R2	1
<i>Actinopolymorpha singaporensis</i>	SC3-R2	1
<i>Aerococcus</i>	SC3-R2	1
<i>Aeromicrobium choanae</i>	SC3-R2	1
<i>Aeromicrobium erythreum</i>	SC3-R2	1
<i>Aeromonas</i>	SC3-R2	1
<i>Agrococcus jejuensis</i>	SC3-R2	1
<i>Alcaligenes</i>	SC3-R2	1
<i>Alcaligenes aquatilis</i>	SC3-R2	1
<i>Alcaligenes faecalis</i>	SC3-R2	2
<i>Alcanivorax sp.</i>	SC3-R2	1

<i>Alistipes shahii</i>	SC3-R2	1
<i>Alloactinosynnema sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Anabaena sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Anoxybacillus flavithermus</i>	SC3-R2	1
<i>Anoxybacillus kamchatkensis</i>	SC3-R2	1
<i>Aromatoleum aromaticum</i>	SC3-R2	1
<i>Arthrobacter</i>	SC3-R2	5
<i>Arthrobacter alpinus</i>	SC3-R2	1
<i>Arthrobacter crystallopoietes</i>	SC3-R2	4
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Arthrobacter sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Atlantibacter hermannii</i>	SC3-R2	1
<i>Auraticoccus monumenti</i>	SC3-R2	1
<i>Bacillus</i>	SC3-R2	1
<i>Bacillus cereus</i>	SC3-R2	8
<i>Bacillus cereus</i>	SC3-R2	1
<i>Bacillus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	SC3-R2	2
<i>Bifidobacterium angulatum</i>	SC3-R2	1
<i>Bifidobacterium animalis</i>	SC3-R2	1
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	SC3-R2	1
<i>Bifidobacterium longum</i>	SC3-R2	2
<i>Bifidobacterium longum</i>	SC3-R2	1
<i>Bifidobacterium pseudolongum</i>	SC3-R2	1
<i>Bifidobacterium scardovii</i>	SC3-R2	1
<i>Bifidobacterium thermophilum</i>	SC3-R2	1
<i>Bosea sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Brachybacterium</i>	SC3-R2	5
<i>Brachybacterium faecium</i>	SC3-R2	3

<i>Brachybacterium ginsengisoli</i>	SC3-R2	5
<i>Brachybacterium saurashtrense</i>	SC3-R2	3
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC3-R2	4
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC3-R2	3
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Brachybacterium sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Brevibacillus laterosporus</i>	SC3-R2	1
<i>Brevibacterium</i>	SC3-R2	168
<i>Brevibacterium aurantiacum</i>	SC3-R2	106
<i>Brevibacterium linens</i>	SC3-R2	552
<i>Brevibacterium sandarakinum</i>	SC3-R2	37
<i>Brevibacterium siliguriense</i>	SC3-R2	108
<i>Brevibacterium sp.</i>	SC3-R2	10
<i>Burkholderia cepacia</i>	SC3-R2	1
<i>Burkholderia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Buttiauxella sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Candidatus Phytoplasma</i>	SC3-R2	1
<i>Carnobacterium divergens</i>	SC3-R2	2
<i>Carnobacterium maltaromaticum</i>	SC3-R2	3
<i>Cellulomonas fimi</i>	SC3-R2	2
<i>Cellulomonas flavigena</i>	SC3-R2	1
<i>Cellulomonas sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Cellulosilyticum sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Cellulosimicrobium</i>	SC3-R2	2
<i>Cellvibrio sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Chryseobacterium</i>	SC3-R2	8
<i>Chryseobacterium bernardetii</i>	SC3-R2	1
<i>Chryseobacterium camelliae</i>	SC3-R2	1
<i>Chryseobacterium indologenes</i>	SC3-R2	8
<i>Chryseobacterium joostei</i>	SC3-R2	2
<i>Chryseobacterium lactis</i>	SC3-R2	2

<i>Chryseobacterium nakagawai</i>	SC3-R2	1
<i>Chryseobacterium shandongense</i>	SC3-R2	1
<i>Chryseobacterium sp.</i>	SC3-R2	4
<i>Chryseobacterium sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Chryseobacterium sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Citrobacter</i>	SC3-R2	3
<i>Citrobacter freundii</i>	SC3-R2	2
<i>Citrobacter freundii</i>	SC3-R2	1
<i>Citrobacter portucalensis</i>	SC3-R2	2
<i>Clavibacter michiganensis</i>	SC3-R2	1
<i>Clavibacter michiganensis</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium</i>	SC3-R2	82
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium casei</i>	SC3-R2	169
<i>Corynebacterium deserti</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium doosanense</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium efficiens</i>	SC3-R2	2
<i>Corynebacterium epidermidicanis</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium falsenii</i>	SC3-R2	19
<i>Corynebacterium flavescens</i>	SC3-R2	2
<i>Corynebacterium genitalium</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium glaucum</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium glyciniphilum</i>	SC3-R2	218
<i>Corynebacterium humireducens</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium imitans</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium marinum</i>	SC3-R2	3
<i>Corynebacterium maris</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium matruchotii</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium provencense</i>	SC3-R2	10
<i>Corynebacterium riegelii</i>	SC3-R2	1

<i>Corynebacterium singulare</i>	SC3-R2	2
<i>Corynebacterium sphenisci</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium stationis</i>	SC3-R2	5
<i>Corynebacterium terpenotabidum</i>	SC3-R2	6
<i>Corynebacterium ulcerans</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium urealyticum</i>	SC3-R2	3
<i>Corynebacterium variabile</i>	SC3-R2	1417
<i>Corynebacterium vitaeruminis</i>	SC3-R2	1
<i>Corynebacterium xerosis</i>	SC3-R2	2
<i>Coxiella burnetii</i>	SC3-R2	1
<i>Croceicoccus naphthovorans</i>	SC3-R2	1
<i>Cryobacterium</i>	SC3-R2	1
<i>Curtobacterium sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Cutibacterium acnes</i>	SC3-R2	1
<i>Cutibacterium avidum</i>	SC3-R2	7
<i>Cutibacterium avidum</i>	SC3-R2	1
<i>Deinococcus ficus</i>	SC3-R2	1
<i>Dermacoccus nishinomiyaensis</i>	SC3-R2	1
<i>Desulfovibrio magneticus</i>	SC3-R2	1
<i>Dietzia</i>	SC3-R2	1
<i>Dietzia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Dietzia timorensis</i>	SC3-R2	1
<i>Elizabethkingia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Enterobacter</i>	SC3-R2	127
<i>Enterobacter asburiae</i>	SC3-R2	24
<i>Enterobacter bugandensis</i>	SC3-R2	1
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC3-R2	49
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC3-R2	2
<i>Enterobacter cloacae</i>	SC3-R2	1
<i>Enterobacter hormaechei</i>	SC3-R2	1
<i>Enterobacter hormaechei</i>	SC3-R2	1

<i>Enterobacter kobei</i>	SC3-R2	1
<i>Enterobacter sp.</i>	SC3-R2	6
<i>Enterobacter sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Enterobacter sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Enterococcus</i>	SC3-R2	4
<i>Enterococcus durans</i>	SC3-R2	1
<i>Enterococcus faecalis</i>	SC3-R2	3
<i>Enterococcus faecium</i>	SC3-R2	7
<i>Enterococcus mundtii</i>	SC3-R2	1
<i>Enterococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Escherichia</i>	SC3-R2	1
<i>Escherichia coli</i>	SC3-R2	2
<i>Fingoldia magna</i>	SC3-R2	1
<i>Flavobacterium columnare</i>	SC3-R2	1
<i>Frankineae bacterium</i>	SC3-R2	1
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	SC3-R2	1
<i>Gemmata obscuriglobus</i>	SC3-R2	1
<i>Gemmata sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Geobacillus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Georgenia sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Georgenia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Georgenia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Glutamicibacter halophytocola</i>	SC3-R2	1
<i>Gordonia bronchialis</i>	SC3-R2	1
<i>Gordonia iterans</i>	SC3-R2	1
<i>Gordonia phthalatica</i>	SC3-R2	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Gordonia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Gordonia terrae</i>	SC3-R2	1
<i>Gordonibacter massiliensis</i>	SC3-R2	30
<i>Halobacteriovorax marinus</i>	SC3-R2	1

<i>Halorubrum trapanicum</i>	SC3-R2	1
<i>Hirschia baltica</i>	SC3-R2	1
<i>Isoptericola dokdonensis</i>	SC3-R2	1
<i>Janibacter limosus</i>	SC3-R2	1
<i>Jatrophihabitans sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Jeongeupia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Jeotgalibaca sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Jiangella alkaliphila</i>	SC3-R2	1
<i>Kibdelosporangium phytohabitans</i>	SC3-R2	1
<i>Klebsiella</i>	SC3-R2	60
<i>Klebsiella michiganensis</i>	SC3-R2	1
<i>Klebsiella oxytoca</i>	SC3-R2	2
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	SC3-R2	1
<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	SC3-R2	1
<i>Klebsiella sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Kocuria</i>	SC3-R2	1
<i>Kocuria indica</i>	SC3-R2	4
<i>Kocuria palustris</i>	SC3-R2	1
<i>Kocuria rosea</i>	SC3-R2	1
<i>Kosakonia sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Kurthia zopfii</i>	SC3-R2	1
<i>Kytococcus sedentarius</i>	SC3-R2	9
<i>Lactobacillus</i>	SC3-R2	2970
<i>Lactobacillus acidipiscis</i>	SC3-R2	114
<i>Lactobacillus alimentarius</i>	SC3-R2	18
<i>Lactobacillus allii</i>	SC3-R2	7
<i>Lactobacillus amylophilus</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus animalis</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus apis</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus backii</i>	SC3-R2	44
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC3-R2	1148

<i>Lactobacillus brevis</i>	SC3-R2	18
<i>Lactobacillus brevis</i>	SC3-R2	10
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC3-R2	12
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC3-R2	11
<i>Lactobacillus buchneri</i>	SC3-R2	7
<i>Lactobacillus casei</i>	SC3-R2	84
<i>Lactobacillus casei</i>	SC3-R2	3
<i>Lactobacillus casei</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC3-R2	22
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC3-R2	8
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	SC3-R2	4
<i>Lactobacillus crustorum</i>	SC3-R2	49
<i>Lactobacillus curieae</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus curvatus</i>	SC3-R2	338
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC3-R2	9
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus farciminis</i>	SC3-R2	261
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC3-R2	36
<i>Lactobacillus fermentum</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus gallinarum</i>	SC3-R2	14
<i>Lactobacillus gasseri</i>	SC3-R2	3
<i>Lactobacillus gasseri</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus ginsenosidimutans</i>	SC3-R2	5
<i>Lactobacillus heilongjiangensis</i>	SC3-R2	33
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC3-R2	11
<i>Lactobacillus helveticus</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus hokkaidonensis</i>	SC3-R2	7
<i>Lactobacillus hordei</i>	SC3-R2	3
<i>Lactobacillus kefiranofaciens</i>	SC3-R2	6
<i>Lactobacillus koreensis</i>	SC3-R2	26

<i>Lactobacillus kunkeei</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus oligofermentans</i>	SC3-R2	6
<i>Lactobacillus parabuchneri</i>	SC3-R2	3
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC3-R2	49
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus paracasei</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	SC3-R2	21
<i>Lactobacillus paragasseri</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus paraplantarum</i>	SC3-R2	7818
<i>Lactobacillus pentosus</i>	SC3-R2	57
<i>Lactobacillus pentosus</i>	SC3-R2	6
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R2	1874
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R2	32
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R2	20
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R2	14
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R2	9
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R2	8
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R2	7
<i>Lactobacillus plantarum</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus reuteri</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	SC3-R2	6
<i>Lactobacillus sakei</i>	SC3-R2	11
<i>Lactobacillus sakei</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus salivarius</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	SC3-R2	4
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC3-R2	19
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC3-R2	7
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC3-R2	3
<i>Lactobacillus sp.</i>	SC3-R2	2

<i>Lactobacillus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Lactobacillus terrae</i>	SC3-R2	2
<i>Lactobacillus zymae</i>	SC3-R2	6
<i>Lactococcus</i>	SC3-R2	175
<i>Lactococcus garvieae</i>	SC3-R2	153
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	6840
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	658
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	182
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	174
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	17
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	14
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	13
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	12
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	10
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	7
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	6
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	4
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	2
<i>Lactococcus lactis</i>	SC3-R2	1
<i>Lactococcus piscium</i>	SC3-R2	4
<i>Lactococcus piscium</i>	SC3-R2	3
<i>Lactococcus raffinolactis</i>	SC3-R2	5
<i>Lactococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Lautropia mirabilis</i>	SC3-R2	1
<i>Leclercia</i>	SC3-R2	1
<i>Leclercia adecarboxylata</i>	SC3-R2	1
<i>Lelliottia nimipressuralis</i>	SC3-R2	1
<i>Leptospira santarosai</i>	SC3-R2	1
<i>Leucobacter triazinivorans</i>	SC3-R2	1
<i>Leuconostoc</i>	SC3-R2	53

<i>Leuconostoc carnosum</i>	SC3-R2	2
<i>Leuconostoc citreum</i>	SC3-R2	5
<i>Leuconostoc citreum</i>	SC3-R2	2
<i>Leuconostoc gelidum</i>	SC3-R2	1
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC3-R2	3
<i>Leuconostoc kimchii</i>	SC3-R2	1
<i>Leuconostoc lactis</i>	SC3-R2	3
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R2	133
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R2	25
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R2	3
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R2	1
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	SC3-R2	1
<i>Leuconostoc suionicum</i>	SC3-R2	1
<i>Listeria monocytogenes</i>	SC3-R2	2
<i>Luteipulveratus mongoliensis</i>	SC3-R2	1
<i>Lysinimonas sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Marinilactibacillus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Marinobacter hydrocarbonoclasticus</i>	SC3-R2	1
<i>Methanosarcina mazei</i>	SC3-R2	1
<i>Methylobacterium aquaticum</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium</i>	SC3-R2	4
<i>Microbacterium aurum</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium chocolatum</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium lemovicicum</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium oxydans</i>	SC3-R2	10
<i>Microbacterium sediminis</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R2	3
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium sp.</i>	SC3-R2	1

<i>Microbacterium testaceum</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium phosphovorus</i>	SC3-R2	1
<i>Microbacterium soli</i>	SC3-R2	2
<i>Micromonospora chokoriensis</i>	SC3-R2	1
<i>Micromonospora zamorensis</i>	SC3-R2	1
<i>Microterricola viridarii</i>	SC3-R2	1
<i>Miniimonas sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Moraxella catarrhalis</i>	SC3-R2	1
<i>Mycetocola sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Mycobacterium avium</i>	SC3-R2	1
<i>Mycobacterium chimaera</i>	SC3-R2	1
<i>Mycobacterium dioxanotrophicus</i>	SC3-R2	1
<i>Mycobacteroides immunogenum</i>	SC3-R2	1
<i>Mycolicibacter terrae</i>	SC3-R2	1
<i>Mycolicibacterium</i>	SC3-R2	1
<i>Mycolicibacterium chitae</i>	SC3-R2	2
<i>Mycolicibacterium smegmatis</i>	SC3-R2	1
<i>Neisseria subflava</i>	SC3-R2	1
<i>Neomicrococcus aestuarii</i>	SC3-R2	1
<i>Nocardia cyriacigeorgica</i>	SC3-R2	1
<i>Nocardia seriolae</i>	SC3-R2	1
<i>Nocardioides</i>	SC3-R2	1
<i>Nocardioides dokdonensis</i>	SC3-R2	1
<i>Nocardiopsis dassonvillei</i>	SC3-R2	1
<i>Nocardiopsis gilva</i>	SC3-R2	1
<i>Oenococcus kitaharae</i>	SC3-R2	3
<i>Oenococcus oeni</i>	SC3-R2	2
<i>Ornithinimicrobium sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Paenibacillus crassostreae</i>	SC3-R2	1
<i>Paenibacillus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Pantoea</i>	SC3-R2	1

<i>Pantoea vagans</i>	SC3-R2	1
<i>Paracoccus aminovorans</i>	SC3-R2	1
<i>Pediococcus</i>	SC3-R2	1
<i>Pediococcus acidilactici</i>	SC3-R2	8
<i>Pediococcus claussenii</i>	SC3-R2	4
<i>Pediococcus claussenii</i>	SC3-R2	3
<i>Pediococcus damnosus</i>	SC3-R2	23
<i>Pediococcus inopinatus</i>	SC3-R2	7
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	SC3-R2	17
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	SC3-R2	1
<i>Petrimonas mucosa</i>	SC3-R2	2
<i>Photorhabdus asymbiotica</i>	SC3-R2	1
<i>Plantactinospora sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Prevotella intermedia</i>	SC3-R2	1
<i>Propionibacterium acidifaciens</i>	SC3-R2	1
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC3-R2	40
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	SC3-R2	1
<i>Proteus vulgaris</i>	SC3-R2	1
<i>Pseudarthrobacter</i>	SC3-R2	1
<i>Pseudarthrobacter chlorophenolicus</i>	SC3-R2	2
<i>Pseudolabrys sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Pseudomonas</i>	SC3-R2	2
<i>Pseudomonas alkylphenolica</i>	SC3-R2	1
<i>Pseudomonas chlororaphis</i>	SC3-R2	1
<i>Pseudomonas putida</i>	SC3-R2	1
<i>Pseudomonas yamanorum</i>	SC3-R2	1
<i>Psychrobacter</i>	SC3-R2	1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	SC3-R2	1
<i>Rathayibacter iranicus</i>	SC3-R2	1
<i>Rathayibacter toxicus</i>	SC3-R2	1
<i>Rhodococcus</i>	SC3-R2	3

<i>Rhodococcus coprophilus</i>	SC3-R2	1
<i>Rhodococcus opacus</i>	SC3-R2	2
<i>Rhodococcus opacus</i>	SC3-R2	1
<i>Rhodococcus rhodochrous</i>	SC3-R2	1
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC3-R2	3
<i>Rhodococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Saccharothrix espanaensis</i>	SC3-R2	1
<i>Salinibacterium sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Salmonella enterica</i>	SC3-R2	1
<i>Salmonella enterica</i>	SC3-R2	1
<i>Sanguibacter keddieii</i>	SC3-R2	1
<i>Serratia</i>	SC3-R2	3
<i>Serratia marcescens</i>	SC3-R2	1
<i>Serratia marcescens</i>	SC3-R2	1
<i>Shewanella psychrophila</i>	SC3-R2	1
<i>Sphingomonas</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus</i>	SC3-R2	23
<i>Staphylococcus agnetis</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus aureus</i>	SC3-R2	22
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus equorum</i>	SC3-R2	6
<i>Staphylococcus felis</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus hyicus</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus nepalensis</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	SC3-R2	171
<i>Staphylococcus sciuri</i>	SC3-R2	2
<i>Staphylococcus simulans</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus succinus</i>	SC3-R2	1
<i>Staphylococcus xylosus</i>	SC3-R2	5

<i>Stenotrophomonas</i>	SC3-R2	1
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	SC3-R2	1
<i>Stenotrophomonas sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus</i>	SC3-R2	3058
<i>Streptococcus acidominimus</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus agalactiae</i>	SC3-R2	28
<i>Streptococcus anginosus</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus australis</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus canis</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus cristatus</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	SC3-R2	14
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	SC3-R2	12
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	SC3-R2	10
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus equi</i>	SC3-R2	12
<i>Streptococcus equi</i>	SC3-R2	2
<i>Streptococcus equinus</i>	SC3-R2	126
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	SC3-R2	17
<i>Streptococcus gordonii</i>	SC3-R2	10
<i>Streptococcus halotolerans</i>	SC3-R2	5
<i>Streptococcus himalayensis</i>	SC3-R2	4
<i>Streptococcus infantarius</i>	SC3-R2	28
<i>Streptococcus iniae</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus intermedius</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus lutetiensis</i>	SC3-R2	6
<i>Streptococcus macedonicus</i>	SC3-R2	15
<i>Streptococcus marmotae</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus milleri</i>	SC3-R2	2
<i>Streptococcus mitis</i>	SC3-R2	2
<i>Streptococcus mitis</i>	SC3-R2	2
<i>Streptococcus mutans</i>	SC3-R2	3

<i>Streptococcus oralis</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus parasanguinis</i>	SC3-R2	4
<i>Streptococcus parasanguinis</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus parauberis</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus parauberis</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus pluranimalium</i>	SC3-R2	7
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus porcinus</i>	SC3-R2	4
<i>Streptococcus pyogenes</i>	SC3-R2	6
<i>Streptococcus ruminantium</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC3-R2	588
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC3-R2	60
<i>Streptococcus salivarius</i>	SC3-R2	52
<i>Streptococcus sanguinis</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus sobrinus</i>	SC3-R2	2
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	69
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	27
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	25
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	6
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	4
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus suis</i>	SC3-R2	32
<i>Streptococcus suis</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	839

<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	9
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	9
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	6
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	5
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	3
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	2
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	2
<i>Streptococcus thermophilus</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus troglodytae</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus uberis</i>	SC3-R2	11
<i>Streptococcus uberis</i>	SC3-R2	1
<i>Streptococcus urinalis</i>	SC3-R2	4
<i>Streptococcus vestibularis</i>	SC3-R2	120
<i>Streptococcus viridans</i>	SC3-R2	3
<i>Streptomyces</i>	SC3-R2	2
<i>Streptomyces albus</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces bingchengensis</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces clavuligerus</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces griseochromogenes</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces pactum</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R2	3
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R2	2
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Streptomyces spongiicola</i>	SC3-R2	1
<i>Streptosporangium sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Sulfuriflexus mobilis</i>	SC3-R2	1

<i>Synechococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Tardiphaga</i>	SC3-R2	1
<i>Tessaracoccus aquimaris</i>	SC3-R2	1
<i>Tessaracoccus timonensis</i>	SC3-R2	12
<i>Tetragenococcus halophilus</i>	SC3-R2	12
<i>Tetragenococcus halophilus</i>	SC3-R2	2
<i>Tetragenococcus koreensis</i>	SC3-R2	1
<i>Thiocystis violascens</i>	SC3-R2	1
<i>Vagococcus sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Weissella</i>	SC3-R2	35
<i>Weissella cibaria</i>	SC3-R2	11
<i>Weissella confusa</i>	SC3-R2	9
<i>Weissella hellenica</i>	SC3-R2	6
<i>Weissella jogaejeotgali</i>	SC3-R2	1244
<i>Weissella koreensis</i>	SC3-R2	1
<i>Weissella paramesenteroides</i>	SC3-R2	20
<i>Xenorhabdus hominickii</i>	SC3-R2	1
<i>Xylanibacterium sp.</i>	SC3-R2	1
<i>Xylanimonas cellulositytica</i>	SC3-R2	2
<i>Yersinia pestis</i>	SC3-R2	1
