

BENEMÉRITA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE PUEBLA



FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

Efecto de promotores de crecimiento vegetal en la
diversidad de microorganismos del suelo asociado a
la rizósfera de plantas de maíz

Tesis para obtener el título de

LICENCIADO EN BIOTECNOLOGÍA

PRESENTA:

JIMÉNEZ BURTON MIGUEL ÁNGEL

DIRECTOR: CONTRERAS PAREDES CARLOS ALBERTO

CO-DIRECTOR: LAMELAS CABELLO ARACELI



Mayo 2018

Dedicatoria

La presente tesis se la dedico a mi madre y hermana por estar siempre presentes,
acompañándome.

A mi amigo Emmanuel Vera, por ayudare cuando siempre lo necesité. Te agradezco por todos
los buenos momentos que hemos convivido.

A todos los que han estado conmigo estos cinco años.

Agradecimientos

Le agradezco a la Vicerrectoría de Investigación y Estudios de posgrado por otorgarme beca en los programas jóvenes investigadores con temas referentes a la investigación desarrollada.

A mis asesores Carlos y Araceli por apoyarme en toda la investigación realizada.

Al Dr. Jesus Sandoval por financiar la investigación mediante el proyecto Prodep NPTC-390 así como proyectos VIEP.

Al Instituto de Ecología (INECOL) por brindarme la infraestructura para llevar a cabo los análisis pertinentes.

A los investigadores pertenecientes al Instituto de Ecología Enrique Ibarra Laclette, Emmanuel Villafán de la Torre y Alexandro G. Alonso Sánchez por su asesoramiento.

A la Dra. Nora Hilda Rosas Murrieta y al Dr. Antonino Rogelio Baéz por su dedicación y apoyo en la revisión de tesis.

ÍNDICE

| | |
|--|----|
| RESUMEN | 19 |
| I. INTRODUCCIÓN | 21 |
| II. ANTECEDENTES | 23 |
| 1. ¿Qué es el suelo? | 23 |
| 1.1. Propiedades físicas del suelo..... | 26 |
| 1.1.1. Textura del suelo..... | 26 |
| 1.1.2. Estructura del suelo..... | 28 |
| 1.1.3. Consistencia..... | 30 |
| 1.1.4. Porosidad..... | 30 |
| 1.1.5. Densidad..... | 30 |
| 1.2. Propiedades químicas del suelo..... | 31 |
| 1.2.1. pH..... | 31 |
| 1.2.2. Capacidad de Intercambio Catiónico (CIC)..... | 32 |
| 1.2.3. Conductividad Eléctrica (CE)..... | 32 |
| 1.2.4. Materia Orgánica..... | 33 |
| 1.2.5. Nutrientes del suelo..... | 33 |
| 1.3. Propiedades biológicas del suelo..... | 35 |
| 1.3.1. Ciclo del Nitrógeno..... | 35 |
| 1.3.2. Ciclo de Carbono..... | 37 |
| 2. El suelo y sus características como micro hábitat | 38 |
| 2.1. La Rizósfera y sus interacciones con microorganismos edáficos..... | 40 |
| 2.2. Tipos de microorganismos presentes en suelo..... | 45 |
| 3. Fitohormonas | 47 |
| 3.1. Generalidades y efecto de las fitohormonas sobre la planta..... | 47 |
| 3.2. Los brasinoesteroides y sus efectos..... | 49 |
| 3.2.1. Tolerancia a estrés abiótico..... | 49 |
| 3.2.2. Resistencia a Enfermedades..... | 51 |
| 3.3. Novedosos compuestos promotores del crecimiento vegetal..... | 51 |
| 4. Metagenómica para el estudio de los microorganismos | 52 |
| 4.1. La secuenciación de nueva generación y el entendimiento del genoma de los organismos..... | 52 |

| | | |
|-------------|---|-----------|
| 4.2. | Tecnología de Secuenciación Illumina: Secuenciación por síntesis | 55 |
| 4.2.1. | Tecnología MiSeq de Illumina | 58 |
| 4.3. | De la genómica a la metagenómica | 60 |
| 4.4. | Metagenómica aplicada al estudio de la rizósfera del maíz | 63 |
| III. | JUSTIFICACIÓN: IMPACTO SOCIAL, TECNOLÓGICO, ECONÓMICO Y AMBIENTAL.. | 65 |
| IV. | HIPÓTESIS..... | 67 |
| V. | OBJETIVOS..... | 67 |
| VI. | MATERIALES Y MÉTODOS..... | 69 |
| 1. | Ubicación geográfica de los sitios de muestreo..... | 69 |
| 2. | Extracción y purificación del ADN total | 70 |
| 2.1. | Preparación de librerías y secuenciación | 71 |
| 2.2. | Análisis bioinformáticos y estadísticos | 72 |
| 2.2.1. | Control de calidad y pre-procesamiento de librerías metagenómicas | 73 |
| 2.2.2. | Filtrado de lecturas homologas a <i>Zea Mays</i> usando BOWTIE2 | 74 |
| 2.2.3. | Alineamiento y asignación taxonómica | 74 |
| 2.2.4. | Análisis de la diversidad microbiana mediante la secuencia del gen 16S | 75 |
| 2.2.5. | Construcción de tabla de taxones, normalización y filtrado de datos | 75 |
| 2.2.6. | Curvas de rarefacción | 76 |
| 2.2.6.1. | Índice de Shannon..... | 77 |
| 2.2.6.2. | Índice de Simpson | 77 |
| 2.2.6.3. | Construcción de curvas de rarefacción..... | 78 |
| 2.2.7. | Resumen de los taxones | 78 |
| 2.2.8. | Ensamblaje de los metagenomas | 79 |
| 2.2.9. | Predicción de marcos abiertos de lectura (ORFs)..... | 80 |
| 2.2.10. | Clasificación y análisis de abundancia de genes | 80 |
| 2.2.11. | Análisis estadístico por el método descrito por Stekel y colaboradores, 2000 | 82 |
| 2.2.12. | Comparación en la diversidad microbiana y abundancia de genes entre librerías | 84 |
| 2.2.13. | Abundancia en genes de interés..... | 84 |
| 2.2.14. | Índice de copias génicas presentes en rutas de interés..... | 84 |
| VII. | RESULTADOS | 87 |
| 1. | Panorama general de los datos de secuenciación masiva..... | 87 |
| 2. | Índices de diversidad (Shannon y Simpson) | 89 |
| 3. | Descripción de la población bacteriana..... | 91 |

| | |
|---|------------|
| 3.1. Taxones presentes y abundancias relativas | 91 |
| 3.2. Distribución de la comunidad bacteriana por tratamiento..... | 94 |
| 4. Ensamblajes de metagenomas..... | 111 |
| 5. Obtención de ORFs para la asignación de genes | 112 |
| 6. Genes que codifican enzimas asociadas a los principales metabolismos (N, S, P)..... | 119 |
| 6.1. Metabolismo del Nitrógeno..... | 119 |
| 6.2. Metabolismo del Azufre | 124 |
| 6.3. Metabolismo del Fósforo | 129 |
| 7. Detección de genes de potencial interés en la comunidad microbiana asociada a rizósfera de maíz | 132 |
| VII. DISCUSIÓN..... | 137 |
| VIII. Conclusiones..... | 145 |
| Bibliografía..... | 147 |
| ANEXOS | 154 |

Índice de figuras

| | |
|---|-----|
| Figura 1. Relación entre la ciencia del suelo y otras disciplinas. | 25 |
| Figura 2. Esquema del perfil de suelo y los horizontes que lo conforman. | 29 |
| Figura 3. Efecto de los macronutrientes y micronutrientes a la planta. | 34 |
| Figura 4. Visión general del ciclo del nitrógeno. | 36 |
| Figura 5. Esquema de algunas características que definen al suelo como un microhábitat. | 39 |
| Figura 6. Esquema de los factores que afectan las relaciones en rizósfera. | 41 |
| Figura 7. Influencia de los factores ambientales sobre las comunidades microbianas asociadas a la rizósfera. | 43 |
| Figura 8. Efecto de las fitohormonas sobre las plantas. | 48 |
| Figura 9. Efecto de Brasinoesteroides ante factores abióticos. | 50 |
| Figura 10. Campos de estudio donde las NGS han sido utilizadas. | 54 |
| Figura 11. Flujo de trabajo Tecnología Illumina. | 57 |
| Figura 12. ¿Qué nos puede decir metagenómica? | 61 |
| Figura 13. Esquema básico de un pipeline metagenómico de dos vías. | 62 |
| Figura 14. Localización Geográfica del sitio muestreado de Valsequillo. | 69 |
| Figura 15. Diagrama de flujo de pasos a seguir para los análisis bioinformáticos y estadísticos. | 72 |
| Figura 16. Representación gráfica del método estadístico descrito en Stekel, et al., 2000. | 83 |
| Figura 17. Curvas de rarefacción Datos sin Filtrar (DSF). | 89 |
| Figura 18. Curvas de rarefacción Datos Filtrados y Normalizados (DFN). | 90 |
| Figura 19. Mapa de abundancias relativas de los taxones a nivel de familia en las muestras. | 96 |
| Figura 20. Mapa de abundancias relativas de los taxones a nivel género en las muestras. | 97 |
| Figura 21. Comparación de abundancia relativa y normalizada a nivel de familia. | 99 |
| Figura 22. Comparación de abundancia relativa y normalizada a nivel de especie entre muestras. | 100 |
| Figura 23. Cladograma de abundancias relativas en el metagenoma Control utilizando Datos filtrados y normalizados. | 102 |
| Figura 24. Cladograma de abundancias relativas en tratamiento (aBss4) utilizando Datos filtrados y normalizados. | 104 |
| Figura 25. Cladograma de abundancias relativas en tratamiento (aBss8/18) utilizando Datos filtrados y normalizados. | 106 |
| Figura 26. Número de especies graficado contra el valor del test estadístico R. | 108 |
| Figura 27. Comparación en la abundancia a nivel de especie entre los tratamientos aBss4 y aBss8/18 frente al Control, de las 53 especies con abundancia significativamente distinta. | 110 |
| Figura 28. Composición funcional de metagenoma rizosférico COG. | 113 |
| Figura 29. Composición funcional de metagenoma rizosférico según la base de datos KEGG. | 115 |
| Figura 30. Distribución microbiana en categorías KEGG. | 117 |
| Figura 31. Diagrama del metabolismo del nitrógeno en suelo rizosférico. | 120 |
| Figura 32. Metabolismo del Nitrógeno - Reducción disimilatoria de nitrato. | 121 |
| Figura 33. Metabolismo del nitrógeno - Fijación de Nitrógeno. | 122 |
| Figura 34. Metabolismo del Nitrógeno- Nitrificación. | 123 |
| Figura 35. Metabolismos de Azufre (S). | 125 |
| Figura 36. Reducción y Oxidación de sulfato. | 126 |
| Figura 37. Metabolismo del Azufre- Sistema SOX. | 128 |
| Figura 38. Metabolismo Inositol-Fosfato. | 130 |
| Figura 39. Abundancia relativa a nivel de orden Inositol-Fosfato. | 131 |

| | |
|---|-----|
| Figura 40. Abundancia relativa a nivel de filo perteneciente a la enzima 3-fitasa (K01093) | 131 |
| Figura 41. Comparación en la abundancia de genes relevantes en categorías de interés en los metagenomas (aBss4 y aBss8/18) contra el Control | 134 |
| Figura 42. Comparación de muestras utilizando el método bray | 136 |

Índice de tablas

| | |
|---|-----|
| Tabla 1. <i>Propiedades generales de la arena, limo y arcilla.</i> | 27 |
| Tabla 2. <i>Organismos encontrados en diferentes regiones de la rizósfera</i> | 44 |
| Tabla 3. <i>Filos de bacterias dominantes en suelo</i> | 45 |
| Tabla 4. <i>Especificaciones técnicas de algunas plataformas NGS.</i> | 59 |
| Tabla 5. <i>Estadísticas de secuenciación.</i> | 71 |
| Tabla 6. <i>Resumen de control de calidad de las librerías secuenciadas de suelo asociado a rizósfera de maíz</i> | 74 |
| Tabla 7. <i>Resumen ensamblaje de los metagenomas.</i> | 79 |
| Tabla 8. <i>Resumen de los datos estadísticos de secuenciación.</i> | 88 |
| Tabla 9. <i>Comparación de la abundancia relativa a nivel de filo.</i> | 91 |
| Tabla 10. <i>Comparación de la abundancia relativa a nivel de Orden.</i> | 92 |
| Tabla 11. <i>Comparación de los diferentes datos a nivel de género.</i> | 93 |
| Tabla 12. <i>Estadísticos ensamblajes Ray vs MEGAHIT.</i> | 111 |
| Tabla 13. <i>Resumen de genes asignados y número de ORFs mediante Shotmap</i> | 112 |
| Tabla 14. <i>Detección y frecuencia relativa de genes en bacterias asociadas a rizósfera de maíz que favorecen la planta</i> | 133 |

ÍNDICE DE ANEXOS

| | |
|---|-----|
| Anexo 1. Abundancias relativas de las familias usadas para la construcción de Heatmap a nivel de Familia. | 154 |
| Anexo 2. Abundancias relativas de géneros utilizadas para la construcción de Heatmap a nivel de género. | 158 |
| Anexo 3. Frecuencias relativas por muestra para la construcción de un histograma a nivel de familia. | 160 |
| Anexo 4. Análisis basado en Stekel et al., 2000 aplicado a los datos filtrados y normalizados. (53 OTUs representativos) | 164 |
| Anexo 5. Datos filtrados y normalizados de la diversidad bacteriana. | 166 |
| Anexo 6. Análisis metodología basada en Stekel et al., 2000 aplicado a las categorías funcionales de COG. | 178 |
| Anexo 7. Gráfico Stekel contra categorías COG. | 179 |
| Anexo 8. Análisis basado en el método descrito por Stekel et al., 2000 aplicado a los KO (Se tomaron KO significativos con mayor puntaje) | 180 |
| Anexo 9. Gráfico Stekel datos KEGG perteneciente al anexo 10. | 243 |
| Anexo 10. Abundancia relativa para la enzima 3-fitasa (K01083) | 243 |
| Anexo 11. Abundancia relativa a nivel de Filo sobre subcategorías KEGG. | 244 |

Abreviaturas

| | |
|----------------|---|
| AEC | Antes de la era cristiana |
| APX | Ascorbato peroxidasa |
| BLAST | Basic Local Alignment Search Tool |
| BRs | Brasinoesteroides |
| bp | Pares de bases |
| CAT | Catalasa |
| CE | Conductividad eléctrica |
| CIC | Capacidad de Intercambio Catiónico |
| COG | Cluster of Orthologous Groups |
| Contig | Lecturas ensambladas por el solapamiento de pequeños fragmentos de DNA para formar una región del genoma de un organismo. |
| DFN | Datos filtrados y Normalizados |
| DNA | Ácido desoxirribonucleico (deoxyribonucleic acid por sus siglas en inglés) |
| DSF | Datos Sin Filtrar |
| dNTPs | Desoxirribonucleótidos trifosfatados (deoxyribonucleotide triphosphate) |
| Gb | Gigabases (un billón de bases (nucleótidos)) |
| KOALA | KEGG Orthology And Links Annotation |
| GR | Glutación reductasa |
| KEGG | Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes |
| KO | KEGG Orthology |
| Mbp | Megabases (un millón de bases (nucleótidos)) |
| MO | Materia Orgánica |
| NCBI | National Center for Biotechnology Information |
| NGS | Secuenciación de nueva generación (Next generation sequencing por sus siglas en inglés) |
| ORF | Marco abierto de lectura (Open Reading Frame por sus siglas en inglés) |
| OTU | Unidades Taxonómicas Operacionales (Operational Taxonomic Unit por sus siglas en inglés) |
| PCR | Reacción en cadena de la polimerasa (Polymerase chain reaction por sus siglas en inglés) |
| PCV | Promotores de Crecimiento Vegetal |
| POX | Peroxidasa |
| PRINSEQ | PREprocessing and INformation of SEquences por sus siglas en inglés |
| RNA | Ácido ribonucleico (Ribonucleic acid por sus siglas en inglés) |
| SSB | Secuenciación por síntesis |
| SOD | Superóxido dismutasa |
| PE | El término se refiere a los dos extremos de la misma molécula de DNA |

RESUMEN

La presente investigación se desarrolló a partir de muestras de suelo de plantas de maíz que fueron tratadas con novedosos promotores de crecimiento vegetal (PCV) desarrollados en la Facultad de Ciencias Químicas de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. El efecto que estos compuestos pueden causar en los microorganismos del suelo ya sea positivamente o negativamente aún no se ha esclarecido, esta investigación comprende el uso de la secuenciación masiva para obtener las secuencias de DNA de toda la comunidad microbiana del suelo asociado a la rizósfera utilizando herramientas bioinformáticas para realizar un estudio metagenómico de los datos provenientes de dicha secuenciación. El proyecto estuvo enmarcado a un estudio teórico a nivel informático. Se colectaron muestras de suelo asociado a la rizósfera de plantas de maíz que previamente fueron tratadas con diferentes promotores de crecimiento vegetal posterior a la manipulación y preparación de las muestras se empleó la técnica de secuenciación masiva utilizando la plataforma MiSeq de Illumina en colaboración con el Instituto de Ecología A.C en Xalapa mismo donde se realizaron los análisis metagenómicos.

Palabras Clave: Metagenómica, aBss4, aBss8/18, PCV, rizósfera, maíz.

I. INTRODUCCIÓN

El suelo es un sistema complejo y dinámico, del cual una gran parte de organismos depende para existir (Salamone, 2011). Es un gran reservorio de microorganismos como hongos, protozoos, bacterias y virus entre otros, que establecen relaciones que contribuyen a las propiedades del suelo (Nogales, 2005). Dentro de este sistema encontramos a la rizósfera considerada como el volumen de suelo influenciado por las raíces, que a diferencia de otras zonas del suelo se encuentra una alta actividad biológica pues los exudados radiculares proporcionan nutrientes para los organismos y a su vez, estos proveen a la planta de nutrientes e incluso le confiere resistencia a patógenos (Berg, 2009; Nannipieri *et al.*, 2003; Rucks *et al.*, 2004).

Existen compuestos llamados fitohormonas que promueven el crecimiento de la planta; las principales fitohormonas que se conocen son: las auxinas, giberelinas, citocininas, ácido absicico, etileno y recientemente también se ha considerado a los brasinoesteroides (BR). Estos últimos han sido de gran interés desde hace unos años pues inducen una gran variedad de efectos en las plantas como conferir resistencia a condiciones bióticas y abióticas adversas, convirtiéndolos en una excelente alternativa para su uso en la producción agrícola (Garciglia *et al.*, 2012). Se ha revisado el uso de los BR, de sus análogos y de compuestos en promoción del crecimiento vegetal, incluso de sus repercusiones en la biota microbiana (Jordán *et al.*, 2006). Sin embargo, con la microbiología tradicional no es posible conocer el efecto de estos compuestos sobre la diversidad microbiana ya que en condiciones de laboratorio solo aproximadamente el 1% de toda la diversidad microbiana puede aislarse y cultivarse *in vitro* (Metzker, 2010).

El suelo es probablemente el sistema que se encuentra bajo un mayor número de cambios que modifican su diversidad microbiana. Este “micro hábitat” puede ser estudiado mediante nuevas técnicas de biología molecular. Tal es el caso de la metagenómica la cual estudia la diversidad bacteriana a través de la extracción de material genético de una muestra y su posterior secuenciación (Daniel, 2005). Mediante la aplicación de esta tecnología podemos determinar a los organismos presentes en una muestra bajo condiciones ambientales específicas, en tiempo y zona geográfica determinadas; también

podemos inferir los efectos que pueden tener estos organismos así como el papel que pueden estar representando en actividades diversas como el reciclaje de materia orgánica, su participación en el ciclo del nitrógeno o bien como pueden ayudar a las plantas a captar nutrientes u otras actividades de interés biotecnológico. Por último, con esta tecnología es posible realizar aproximaciones sobre como logran desempeñar esas funciones, es decir, podemos encontrar genes y reconstruir las rutas metabólicas en las que pueden estar involucrados (Handelsman *et al.*, 2007).

A pesar de que México es considerado el cuarto país más mega diverso, puesto que alberga entre un 10% y 12% de todas las especies del planeta, la diversidad microbiana se encuentra poco explorada (Sierra *et al.*, 2014). Este trabajo planea hacer uso de metagenómica para obtener información de la diversidad microbiana asociada a suelo rizosférico, tomando como modelo suelo donde se cultiva una variedad nativa de maíz (*Zea mays*) que ha sido previamente tratado con compuestos promotores de crecimiento vegetal. Por otra parte, este cultivo fue tomado como modelo de estudio debido a la enorme importancia cultural, alimentaria y económica para el país. Aunque se han realizado algunos estudios para analizar la diversidad bacteriana asociada a plantas de maíz (Dohrmann *et al.*, 2013; Li *et al.*, 2014; Correa *et al.*, 2016; De la Cruz *et al.*, 2017), estos estudios dejan de lado otra clase de organismos como virus y hongos, además, la tecnología usada se limita a la amplificación de genes ribosomales bacterianos (16S), permitiendo la asignación taxonómica, adicionalmente, la amplificación del gen 16S presenta desventajas como la formación de quimeras en los productos de amplificación por PCR, debido a errores en la actividad de la polimerasa (Haas *et al.*, 2011) lo que provoca un sesgo en el análisis de la información pues, algunos organismos poseen regiones muy conservadas que no se unen a los amplificadores de 16S por lo cual, se pierden Unidades Taxonómicas Operacionales (OTUs por sus siglas en inglés). La estrategia metagenómica que plantea este trabajo, propone conocer la estructura de la comunidad microbiana que se encuentra en el suelo asociado a la rizósfera de plantas de maíz a las que se les aplicaron novedosos promotores de crecimiento vegetal con actividad similar a la de los brasinoesteroides, así como el potencial metabólico de los microorganismos al poder dilucidar las secuencias de los genes que poseen.

II. ANTECEDENTES

1. ¿Qué es el suelo?

Los suelos fueron clasificados durante la dinastía Yao entre el 2357 a 2261 antes de la era cristiana (AEC), esta dinastía debe ser reconocida pues utilizaron una clasificación de suelos para fines de impuestos. En la literatura india se encuentran clasificaciones de los suelos por su color (y así mismo el contenido de materia orgánica) y la importancia de la erosión, vegetación, el uso de la tierra y su implicación en la salud humana (Coleman, *et al.*, 2004).

La definición de **suelo** varía dependiendo del concepto y el fin que se le dé a este. Algunos autores precisan la definición de acuerdo a la aplicación del mismo dividiendo el concepto en dos ramas de la llamada ciencia del suelo (Buol, *et al.*, 2011):

- La **Pedología**, definida como el estudio del suelo en su ambiente natural, trata de establecer su origen y clasificación. La pedología se relaciona con la geografía al establecer su clasificación, morfología y las relaciones e interacciones con el resto de factores geográficos (Amundson, 2006).
- La **Edafología**, considera al suelo como el soporte vegetal, esta rama se encuentra más relacionada con la agronomía, está orientada al aprovechamiento de los suelos con la finalidad de obtener mejores rendimientos agropecuarios (Jaramillo, 2002).

El suelo también ha sido definido como una mezcla compleja producto de la interacción de factores formadores de suelo (minerales, materia orgánica, agua y clima). El suelo está compuesto principalmente de dos tipos de partículas:

- **Orgánicas:** principalmente vegetales, animales y diversos microorganismos.
- **Minerales:** principalmente roca, arcilla y arena entre otros.

La naturaleza del suelo orientado al campo de estudio de esta investigación se define cómo el conjunto de material orgánico e inorgánico que proporciona un ambiente para los organismos que habitan en él. La hipótesis de Gaia propuesta por James Lovelock en los años setenta nos instruye en un tema más complejo, el teorizó que la Tierra se comporta como un súper organismo, capaz de controlar su propio clima y su química manteniendo un ambiente favorable para sustentar la vida. Sin embargo, sólo los microorganismos han demostrado que pueden sostener la biosfera incluso sin organismos superiores.

El suelo es considerado el espacio donde los organismos interactúan con rocas y minerales (geósfera), agua (hidrósfera), atmósfera y materia orgánica muerta (deitrósfera), su estudio es fundamental en cualquier ciencia y disciplina para tratar de entender las complejas interacciones geoquímicas, bioquímicas, biológicas y biofísicas entre otras (Figura 1). El constante dinamismo que presenta el suelo complica su estudio ya que no se trata de un sistema estático, los flujos geoquímicos y biológicos se encuentran bajo constantes cambios variando desde hace cientos a millones de años (en el caso de flujos geoquímicos) hasta periodos muy cortos que van desde un par de horas a meses en el caso de flujos biológicos (Eldor, 2006).

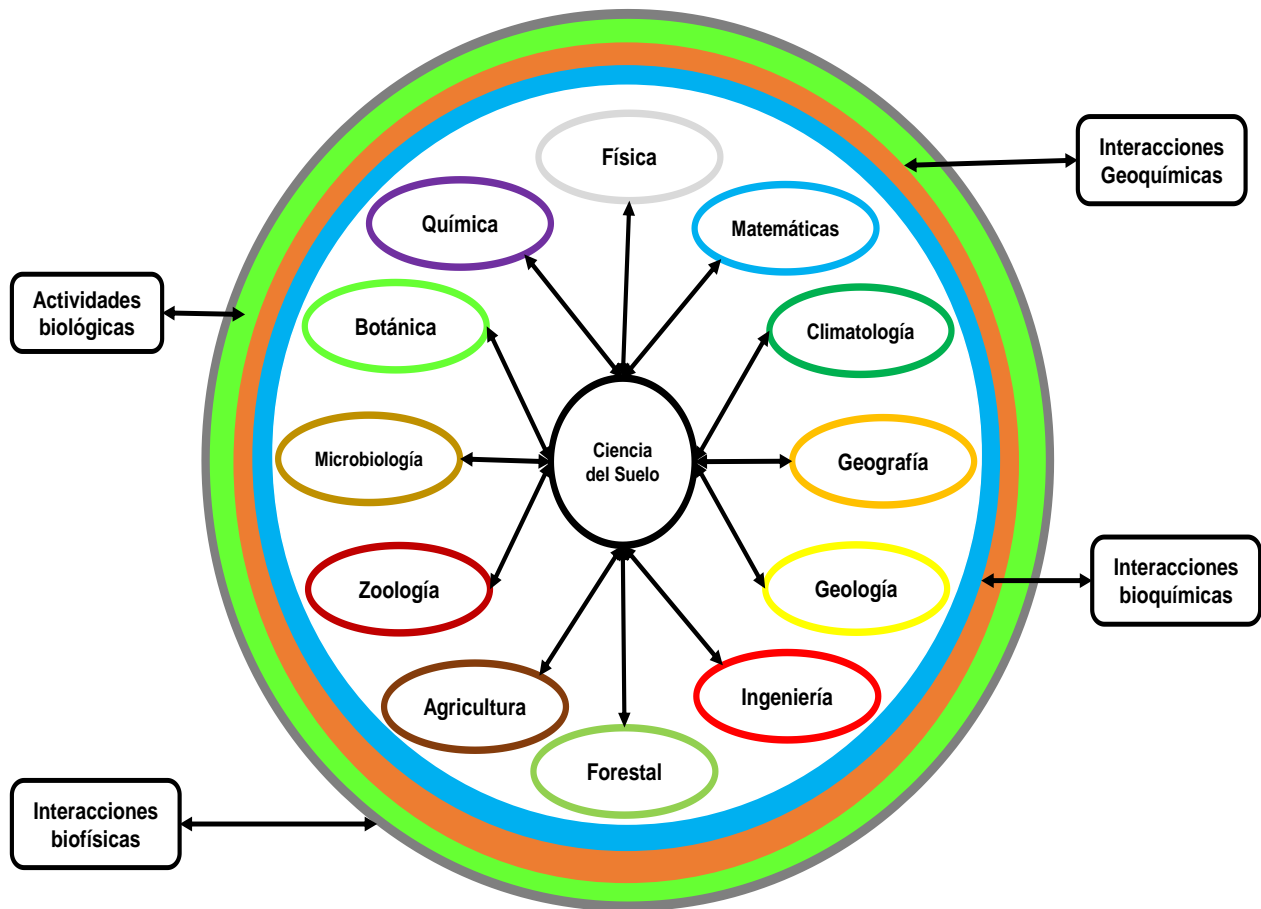


Figura 1. Relación entre la ciencia del suelo y otras disciplinas.

El suelo es un sistema complejo y dinámico que se apoya en áreas como la química, física, microbiología entre otras para explicar los fenómenos que ocurren en este sistema y las interacciones bioquímicas que puedan estar sucediendo. En el caso de interacciones biofísicas áreas como la química, la física y geología son solo algunas disciplinas que pueden ayudar a entender los procesos que se llevan a cabo en este. No debemos olvidar que, a pesar de la apariencia inerte del suelo, es muy dinámico, en él ocurren procesos de formación de nuevo suelo, mineralización, absorción de nutrientes por parte de microorganismos y plantas, lixiviación, erosión entre otros procesos, estudiados por una gran cantidad de ciencias y disciplinas (Tomado y modificado de Bienes, 2009).

1.1. Propiedades físicas del suelo

El concepto de suelo, como ya se ha mencionado es diferente dependiendo de la perspectiva que se considere, para un horticultor es el medio en el cual la planta se desarrollará, para un ingeniero es considerado como materia prima o bien un elemento que debe ser removido antes de empezar alguna construcción, para un geógrafo del suelo es un cuerpo natural formado en la superficie de la Tierra a través de interacciones de al menos cinco factores formadores de suelo (clima, biota, relieve, materia parental y tiempo), cuyas variaciones dan origen a las diferentes morfologías que puede presentar el suelo. Las propiedades físicas del suelo influyen las funciones del suelo en el ecosistema a través de dos características fundamentales: 1) la textura del suelo, que describe el tamaño de las partículas de suelo y 2) la estructura del suelo, la cual consiste en cómo las partículas se asocian con otras. Ambas, ayudan a determinar el suministro de nutrientes de los suelos, conducir y filtrar el agua junto con el aire necesario para las plantas (Baldock, et al., 1999; Randall y Sharon, 2005).

1.1.1. Textura del suelo

La textura de suelo se refiere a la proporción relativa de arena, limo y arcilla entre la fracción de tierra. La grava, adoquines, y otros fragmentos gruesos >2mm de diámetro pueden afectar el comportamiento del suelo; sin embargo, no son considerados parte de la fracción de tierra fina a la que se aplica el término de textura del suelo. La información sobre el contenido de arena, limo y arcilla puede ser graficado fácilmente en un diagrama ternario que recibe el nombre de “triángulo textural” y ha sido usado por décadas para definir las clases texturales e indicar la naturaleza general del suelo y sus propiedades físicas. La textura y el contenido de “fragmentos gruesos” son importantes por numerosas razones una de las más importantes es, que afecta el movimiento del agua y su retención en el suelo, por ejemplo, en suelos arcillosos y de textura fina, el espacio entre los poros es pequeño y usualmente no se encuentran conectados dando como resultado una baja permeabilidad (Weil y Brady, 2016), estas y otras propiedades se esquematizan en la Tabla 1.

Tabla 1. Propiedades generales de la arena, limo y arcilla.

| Propiedad | Arena | Limo | Arcilla |
|--|--------------|-----------------------|---------------------------------|
| Rango del tamaño (mm) | 2.0 – 0.05 | 0.005 – 0.002 | <0.002 |
| Forma de observación | Vista Simple | Microscopio óptico | Microscopio electrónico |
| Tipos de minerales dominantes^a | Primario | Primario y secundario | Secundario |
| Atracción de partículas con otras | Baja | Media | Alta |
| Atracción de partículas hacia superficie del agua | Baja | Media | Alta |
| Retención de agua | Baja | Media- Alta | Muy Alta |
| Aireación | Buena | Media | Pobre |
| Potencial de compactación | Bajo | Media | Alta |
| Resistencia al cambio de pH | Baja | Media | Alta |
| Habilidad para retener químicos y nutrientes | Muy Baja | Baja | Media- Alta |
| Susceptibilidad a la erosión por aire | Moderado | Alto | Bajo |
| Susceptibilidad a la erosión por agua | Bajo | Alto | Depende del grado de agregación |
| Consistencia cuando se encuentra mojado | Arenoso | Suave | Pegajoso/ maleable |
| Consistencia cuando se encuentra seco | Arenoso | En polvo | Piedras duras |

^aLas partículas de suelo suelen estar conformadas por los minerales primarios (silicatos), minerales secundarios (filosilicatos), Cuarzo y otros minerales. Tomado de (Randall y Sharon, 2005).

1.1.2. Estructura del suelo

La estructura del suelo es la característica que más influencia tiene sobre la habilidad del suelo para contener el crecimiento de las plantas, la velocidad y cantidad de los ciclos biogeoquímicos, almacenamiento de nutrientes y retención de agua. Un suelo que se considera con buena “tierra fina” o “sana” es aquel que favorece el crecimiento de plántulas o el crecimiento de las raíces, además, de proporcionar un óptimo ambiente para el crecimiento de microorganismos (Baldock, Nelson y Sumner 1999). Por otra parte, la importancia de la estructura influye en la aireación y permeabilidad al igual que en su estabilidad.

El suelo se encuentra dividido en horizontes que consisten en capas que delimitan las zonas del suelo con base en características y que reflejan los procesos físicos, químicos y biológicos que toman lugar en ellos. La mayor parte de los suelos se forman a partir de la llamada “roca madre” mientras está se va degradando paulatinamente (Bienes, 2009). Los horizontes que definen los procesos de formación de un suelo se dividen en cinco grupos O, A, B, C, R sus funciones se ilustran en la Figura 2.

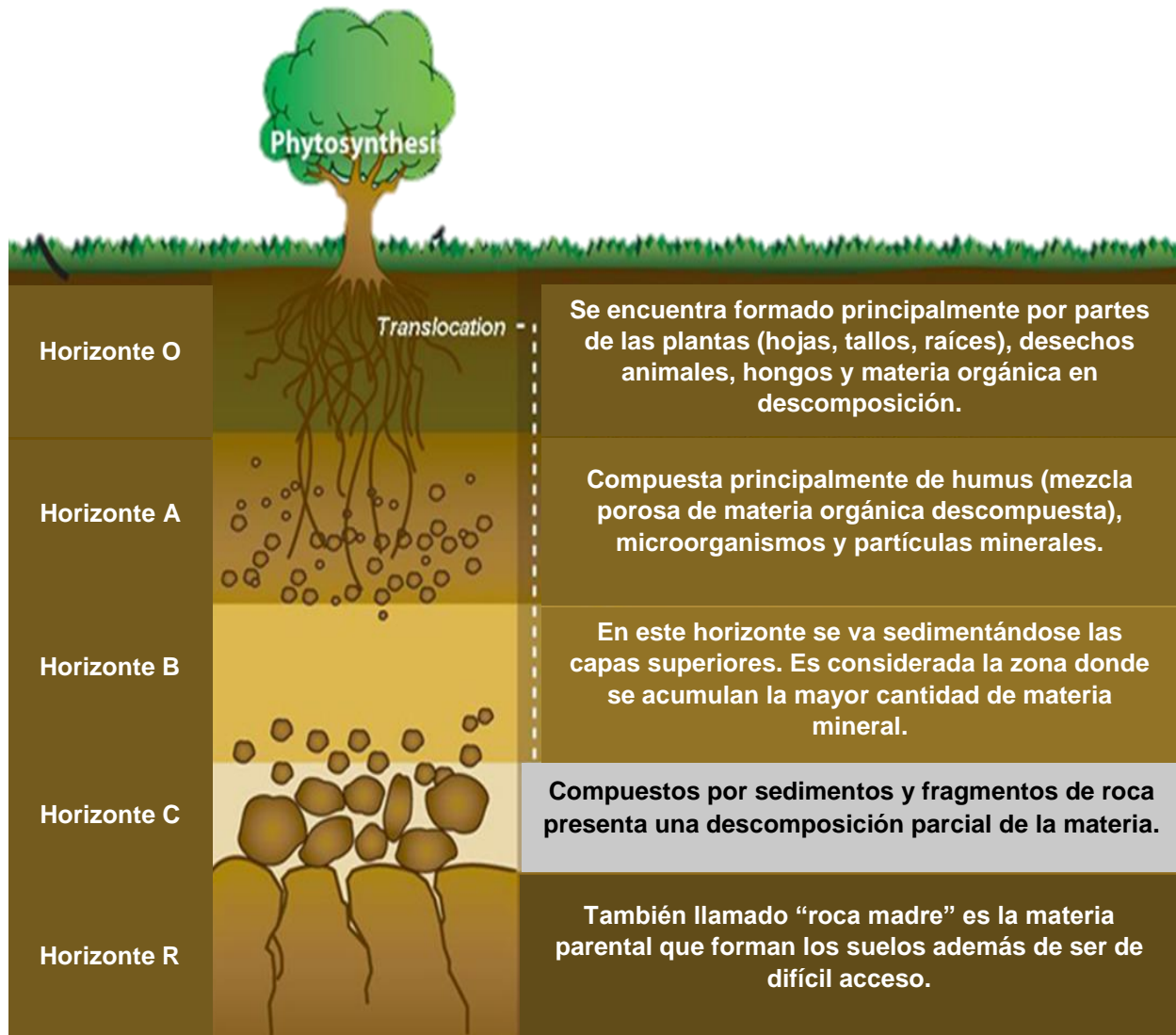


Figura 2. Esquema del perfil de suelo y los horizontes que lo conforman.

Los horizontes O y A son de gran interés puesto que, en estas zonas se encuentran las raíces de las plantas y estas a su vez realizan diversas interacciones con los organismos presentes en el suelo. Imagen tomada y modificada de <https://es.pinterest.com/pin/161566705358907493/>

1.1.3. Consistencia

La consistencia es la resistencia del suelo a la deformación, está determinada por las propiedades cohesivas y adhesivas del mismo suelo, que a su vez están relacionadas con la textura y su estructura. Suelos con alta cantidad de arena son fácilmente deformados, mientras que suelos con alta proporción de arcilla son pegajosos cuando se encuentran hidratados por lo que las fuerzas cohesivas y adhesivas son mayores (FAO, 2006).

1.1.4. Porosidad

La porosidad es definida como el volumen que ocupan los poros (fracción agua/gases) con relación al volumen total ocupado por suelo. Así mismo la porosidad está inversamente relacionada con la densidad del suelo. A estos poros los clasificamos en 1) microporos, en los cuales el agua es retenida para que esté disponible para las plantas y 2) macroporos que sirven de drenaje de líquidos, aireación del suelo y constituyen el espacio por donde las raíces crecerán (Hogson, 1985).

1.1.5. Densidad

La densidad del suelo se clasifica en: 1) densidad aparente que es la masa contenida en una unidad de volumen de suelo, incluyendo el volumen ocupado por los poros. Mientras mayor sea la densidad menor será el espacio por el cual los líquidos pueden moverse y disminuir el crecimiento y penetración de raíces. 2) La densidad real, la cual corresponde a la relación entre la masa de suelo y el volumen real que ocupa omitiendo los poros, si la densidad real es inferior a $2,65 \text{ gr/cm}^3$ se infiere que el suelo posee alto contenido de materia orgánica mientras que si es mayor a ese valor se infiere que posee altos valores de óxidos en el suelo (Aguilera, 1989).

1.2. Propiedades químicas del suelo

Estas propiedades describen las sustancias y componentes integrados en el suelo. Son las propiedades que más dependen del suelo y de sus componentes orgánicos e inorgánicos, así como de fenómenos que dan lugar a una amplia variedad de compuestos presentes en el suelo y que afectan otras propiedades.

1.2.1. pH

El pH es probablemente una de las propiedades más importantes ya que su influencia afecta directamente a los microorganismos y plantas en el momento de llevar a cabo diferentes reacciones químicas considerando tres condiciones del suelo: acidez, neutralidad o alcalinidad. Esta característica determinará la disponibilidad de iones para el metabolismo de los microorganismos, por otra parte, un aumento o disminución en el pH afecta en estos ya que, la mayoría de los microorganismos crecen con valores entre 4 y 9 de pH, esto teniendo en cuenta que existen organismos que se desarrollan a niveles de pH muy cercanos a 1 (Carbonetto, 2014). El pH juega un papel importante para que los nutrientes requeridos por las plantas estén disponibles para ser asimilados; en lugares donde las precipitaciones son intensas se produce el lavado de compuestos alcalinos del suelo, mientras que en lugares con escasas precipitaciones los suelos presentan una mayor cantidad de compuestos alcalinos. Algunos factores que determinan el valor de pH en suelo son la naturaleza del suelo, los factores bióticos, incluyendo la actividad orgánica de naturaleza ácida, los complejos adsorbentes, es decir, la cantidad de iones que se encuentran presentes (FAO, 2006)

El pH de los suelos puede afectar el crecimiento vegetal en dos formas: 1) modificando la disponibilidad de nutrientes, pues valores altos provocan una precipitación de algunos nutrientes lo cual los convierte en elementos no disponibles para las plantas; 2) afecta el proceso fisiológico de las raíces para absorber nutrientes deteriorando el sistema radicular o incluso presentando intoxicaciones por elementos fitotóxicos.

Las estaciones del año también pueden generar fluctuaciones en el pH y por lo tanto influenciar a los microorganismos. Por ejemplo, las bacterias y actinomicetos se

desarrollan mejor en suelos minerales con pH intermedios y elevados, teniendo un desarrollo bajo cuando los niveles de pH se encuentran por debajo de 5.5. Los suelos con niveles de pH entre 6 y 7 presentan las condiciones (al menos de pH) donde se presenta el mejor panorama biológico para los microorganismos (Burbano, 1989).

1.2.2. Capacidad de Intercambio Catiónico (CIC)

La capacidad de intercambio catiónico es expresada como la de carga presente en la superficie del suelo y representa la cantidad de cationes que esta superficie contiene como Ca^{++} , K^+ , Na^+ , entre otros. Esta propiedad muestra la capacidad de un suelo para retener cationes y, por lo tanto, la disponibilidad de nutrientes para las plantas. Suelos arenosos y/o pobres de materia orgánica se caracterizan por tener una baja CIC (FAO, 2006).

1.2.3. Conductividad Eléctrica (CE)

La conductividad eléctrica es la capacidad del suelo para transportar corriente eléctrica y es directamente proporcional al contenido de sales contenidas en el suelo. Esta propiedad sirve como indicador de la salinidad del suelo (Tabla 2) (Díaz y Medina, 2015).

Tabla 2. Mediciones de la conductividad eléctrica y tipo de salinidad para una suspensión de suelo: agua 1:1.

| Conductividad eléctrica (dS/m a 25°C) | Tipo de salinidad |
|--|--------------------------|
| <i>0 – 0.98</i> | No salino |
| <i>0.98- 1.71</i> | Muy ligeramente salino |
| <i>1.71- 3.16</i> | Ligeramente salino |
| <i>3.16- 6.07</i> | Moderadamente salino |
| <i>>6.07</i> | Fuertemente salino |

Tomado de Tomado de Díaz y Medina, 2015.

1.2.4. Materia Orgánica

La materia orgánica de los suelos proviene de residuos animales y vegetales, dividiéndose en dos fracciones lábil y recalcitrante. Mientras la fracción lábil es más rápida de degradar por los microorganismos presentes en el suelo la fracción recalcitrante o también llamada “humus” es más estable por estar constituida por compuestos complejos (ácido húmico, huminas, etc); y por lo tanto permanece en el suelo por periodos más largos. La fracción orgánica regula procesos físicos y químicos siendo el centro de casi todas las actividades biológicas incluyendo microflora y fauna. Además, el humus llega a ser un factor importante ya que influencia otras propiedades como el pH y la lixiviación de nutrientes, así como el aumento en la retención de agua (Atlas y Bartha, 2002).

1.2.5. Nutrientes del suelo

Existen sustancias químicas que permiten a las plantas desarrollarse de forma óptima (Figura 3); sin embargo, cuando estos nutrientes no son suficientes la planta no puede crecer de forma adecuada y puede provocar un incremento en las enfermedades o ataques de insectos hacia la planta. Los elementos que necesita la planta para desarrollarse se clasifican en macronutrientes (N, P, K, S, Mg, Ca) dado que su presencia y requerimientos en la planta es mayoritaria y los micronutrientes (Zn, Fe, Mn, Cl, Cu, B y Mo) nombrados así porque de estos se requieren en cantidades muy pequeñas. Algunos microorganismos degradan compuestos complejos permitiendo que los elementos requeridos por las plantas estén biodisponibles. Es importante considerar que algunos elementos pueden llegar a ser tóxicos en altas cantidades o incluso actuar de manera antagónica, es decir, promover que otros elementos no sean disponibles para la planta (Kirby y Romheld, 2008).

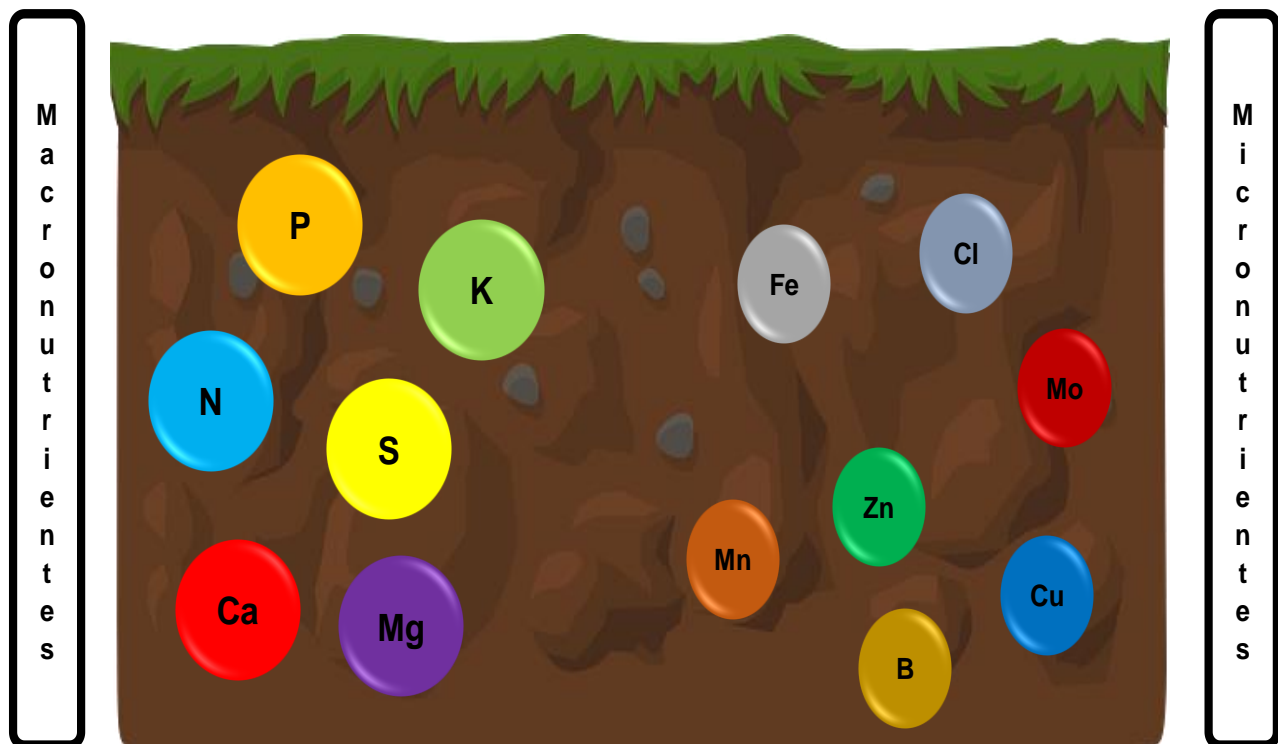


Figura 3. Efecto de los macronutrientes y micronutrientes a la planta.

Los nutrimentos que la planta necesita se dividen en macronutrientes y micronutrientes, llamados así por la cantidad necesaria para la planta, en algunos casos un exceso de algún nutriente puede llegar a provocar intoxicación en la planta.

Macronutrientes:

Nitrógeno (N) – Ayuda a desarrollar las hojas y los tallos y es necesario en la formación de las proteínas.

Fósforo (P) – Ayuda al desarrollo de las raíces en las plantas jóvenes. También ayuda a la formación de flores durante el período de madurez.

Potasio (K) – Es necesario durante el desarrollo de las plantas, especialmente durante la floración

Calcio (Ca) – Participa en la formación de proteínas y en la formación de órganos y tejidos duros como las semillas, proporcionándoles resistencia y vigor.

Magnesio (Mg) – Constituye parte de la clorofila que interviene en el proceso de la fotosíntesis

Azufre (S) – Ayuda a la formación de la clorofila, vitaminas y enzimas. Forma parte de las proteínas. Favorece el crecimiento de raíces y semillas.

Micronutrientes:

Hierro (Fe) – Necesario para la clorofila.

Manganeso (Mn) – Ayuda al metabolismo del N y en la descomposición de carbohidratos.

Boro (B) – Forma carbohidratos. El margen de consumo de una planta es muy estrecho, por lo que debe cuidarse la carencia para evitar deficiencia y el exceso para evitar toxicidad.

Cobre (Cu) – Ayuda al crecimiento de la planta y al metabolismo de las raíces, así como al buen uso de las proteínas.

Zinc (Zn) – Ayuda al crecimiento vegetal y a la transformación de los hidratos de carbono. El zinc suele quedar retenido por las arcillas en los estratos altos del suelo, por lo que no suele haber carencia de este mineral, sin embargo, un proceso erosivo intenso en el suelo puede originar carencia de este mineral.

Cloro (Cl) – El margen del consumo es muy estrecho como en el caso de B.

Molibdeno (Mo) – Ayuda a la fijación de nitrógeno.

1.3. Propiedades biológicas del suelo

Estas propiedades se encuentran relacionadas con la materia orgánica y los organismos asociados al suelo, las raíces de las plantas, animales, hongos, bacterias, entre otros. Las actividades de los microorganismos son fundamentales para la descomposición de la materia orgánica, los ciclos de nutrientes como nitrógeno, carbono y fósforo, así como en la síntesis de sustancias húmicas (Kirby y Romheld, 2008).

1.3.1. Ciclo del Nitrógeno

Los microorganismos presentes en el suelo cumplen un papel fundamental en la fijación del nitrógeno, este elemento es un componente esencial de las plantas y de todos los seres vivos pues forma parte de las proteínas y otras moléculas. Los microorganismos toman el nitrógeno en forma de N_2 y lo convierten en amoníaco que es una molécula biodisponible para la planta (Figura 4), posteriormente los animales consumen estas plantas adquiriendo estos compuestos nitrogenados para asimilarlos. El nitrógeno es un elemento increíblemente versátil, existe tanto de forma orgánica e inorgánica en diferentes estados de oxidación. Al movimiento del nitrógeno entre la atmósfera, la iósfera y la geósfera en diferentes formas lo llamamos ciclo del nitrógeno (Figura 4).

Existen microorganismos como las cianobacterias fotosintéticas que juegan un papel esencial en la fijación del nitrógeno. Algunos géneros de bacterias que son esenciales para el ciclo son: *Frankia*, *Rhizobium* (viviendo en simbiosis en raíces de plantas leguminosas), *Azotobacter*, *Azospirillum* y *Azolla*. (Peralta, 2009; Purves *et al.*, 2003).

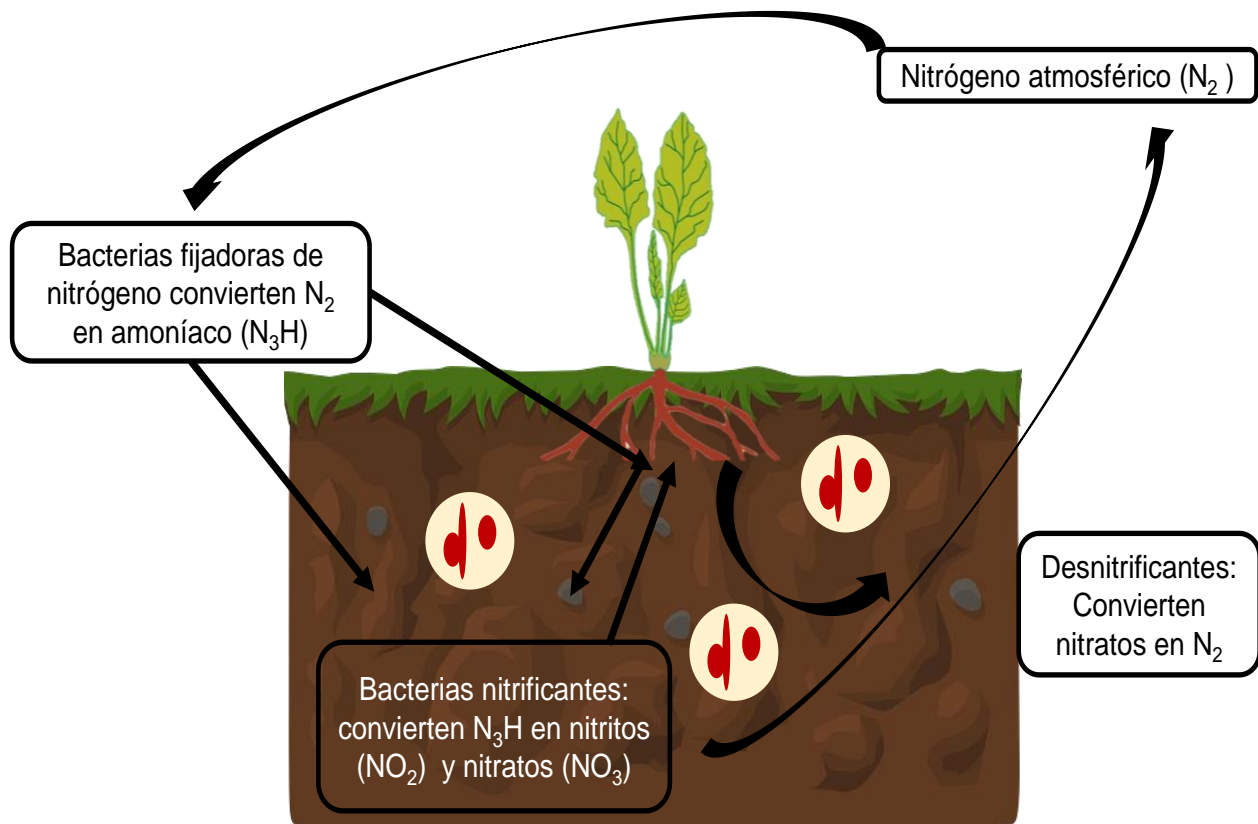


Figura 4. Visión general del ciclo del nitrógeno.

La fijación de Nitrógeno es el proceso donde el N₂ es convertido en amonio o NH₄. Este proceso es vital, pues es la única forma en que los organismos pueden obtener nitrógeno directamente de la atmósfera. Se les denomina "organismos fijadores de nitrógeno" a quienes pueden realizar este proceso. Se conoce que las bacterias fijadoras de N₂, por ejemplo, el género *Rhizobium*, tiene la habilidad (debido a los genes que contiene los genes como los genes *nif*) para fijar nitrógeno. Es común que bacterias fijadoras de nitrógeno trabajen en simbiosis con las plantas, esta simbiosis es muy conocida que ocurre en mayor proporción en la familia de leguminosas. En el caso de ambientes acuáticos o que constantemente hay un flujo continuo de agua se encuentran cianobacterias que son fijadoras de nitrógeno. La nitrificación es necesaria la presencia de oxígeno para llevar a cabo este proceso, por lo tanto, solamente ambientes con una buena circulación de oxígeno o flujo de agua pueden llevar a cabo de mejor manera este proceso. Las bacterias pueden obtener energía a partir de este proceso. Por último, la desnitrificación convierte nitratos en N₂ es un proceso anaerobio que las bacterias desnitrificantes realizan para convertir nitratos en dinitrógeno. Una vez terminado este proceso es improbable que el nitrógeno sea biológicamente disponible pues, se encuentra en forma gaseosa en cambio, el producto final de la desnitrificación se pierde rápidamente en la atmósfera manteniendo un equilibrio de la cantidad de nitrógeno fijada en los procesos anteriormente descritos (FAO, 2006).

1.3.2. Ciclo de Carbono

Los microorganismos presentes en el suelo son determinantes para la incorporación de los elementos en ciclos, entre ellos el carbono. La materia orgánica es consumida por los organismos creando una reserva de carbono que es renovada a corto plazo. Este elemento es esencial para todo organismo vivo pues forma parte de las biomoléculas. Un claro ejemplo de microorganismos que transforman la materia orgánica son microorganismos fotosintéticos, los Actinomicetes, *Saccharomyces* y *Clostridium*.

Algunas funciones que desarrollan los microorganismos en el ciclo del carbono son: a) la fotosíntesis, oxigénica para cianobacterias y anoxigénica para bacterias fotosintéticas, b) Quimio síntesis que es desarrollada por bacterias, c) Uso del carbono orgánico para su metabolismo y d) la degradación de la materia orgánica (Raven *et al.*, 2014).

2. El suelo y sus características como micro hábitat

El suelo desempeña funciones complejas y dinámicas para sustentar la vida en el planeta pues una gran parte de los organismos dependen de él para existir (Salamone, 2011), ya que es una fuente de alimento para microorganismos, actúa como amortiguador y transformador de materia, sirve como soporte para miles de organismos y es el principal escenario donde ocurren los ciclos biogeoquímicos (Volke *et al.*, 2005). El suelo es hábitat de una enorme cantidad de especies microbianas, eucariotas como hongos, protozoos, micro algas, nematodos, procariotas, como bacterias y arqueas, siendo las bacterias las más numerosas y las que desarrollan mayor número de relaciones que pueden contribuir al desarrollo de las características del suelo (Suárez, 2010). Las diferentes comunidades microbianas son de vital importancia para el buen funcionamiento del ecosistema edáfico, ya que participan en diversos procesos como la descomposición de materia orgánica, el reciclaje de nutrientes e incluso la patogenicidad (Dubey *et al.*, 2006).

A pesar de que la diversidad microbiana es muy grande, esta se encuentra poco explorada debido en gran parte a que muchos microorganismos no se han podido cultivar en laboratorio y sólo entre el 0.1 al 10 % de bacterias son cultivables. Al parecer el desconocimiento de los requerimientos nutricionales necesarios para el cultivo de microorganismos aunado a las condiciones ambientales que favorezcan su crecimiento son factores determinantes, además de las interacciones que deben desarrollarse con otros organismos (Lozada *et al.*, 2000).

La estructura del suelo es un factor altamente influyente en la actividad de los microorganismos ya que estos están adheridos a las partículas de suelo como arena, materia orgánica o arcilla. La misma estructura que puede formar el tipo de suelo también suele afectar a la cantidad de humedad retenida además de modificar la disponibilidad de agua en el medio, incluso la porosidad puede afectar a las interacciones entre microorganismos (Carbonetto, 2014). Estos y otros factores son altamente influyentes que confieren características al suelo como un microambiente (Figura 5).

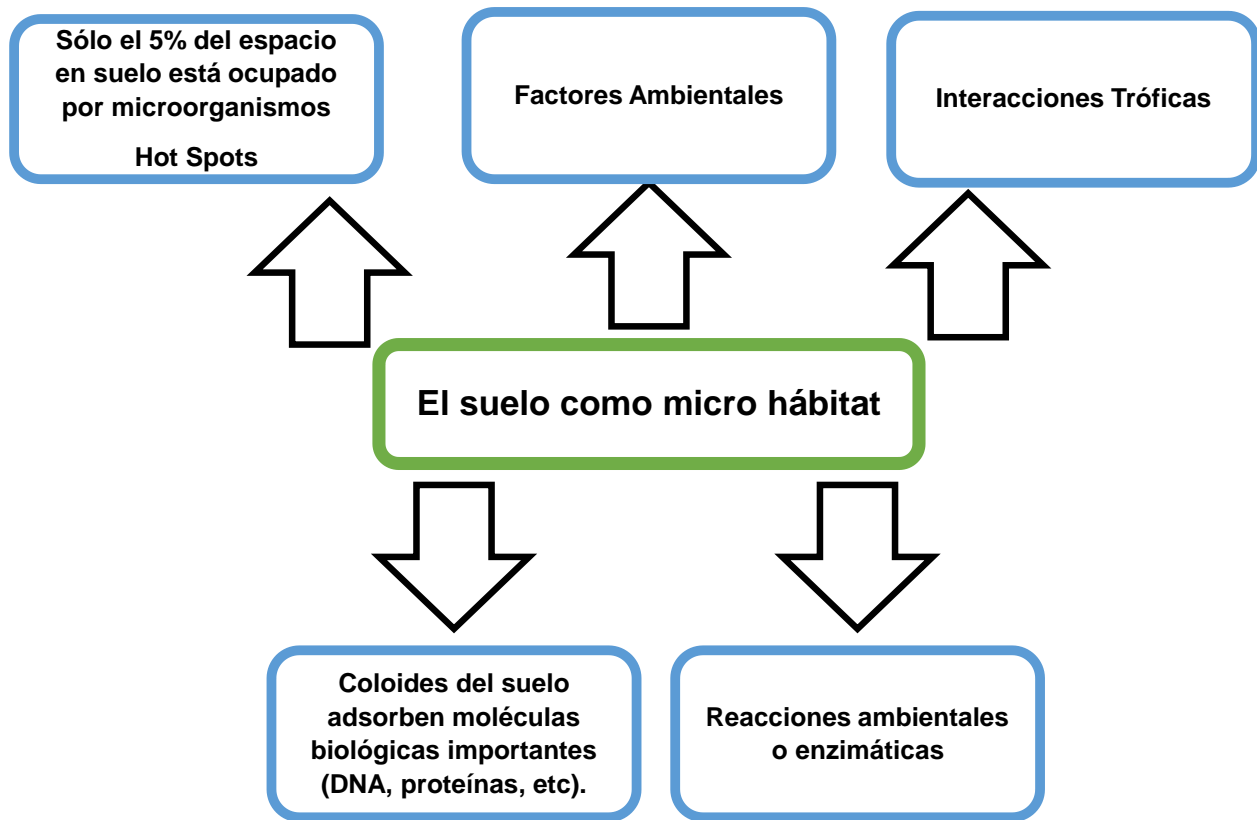


Figura 5. Esquema de algunas características que definen al suelo como un microhábitat.

El suelo es un sistema heterogéneo y discontinuo por lo que suele ser pobre en nutrientes y fuentes de energía en comparación de los medios in vitro. Los medios de cultivo de laboratorio contienen una gran cantidad de nutrientes, no obstante, no todos los microorganismos del suelo pueden crecer en dichos medios de cultivo. Características químicas, físicas y biológicas de estos microhabitats difieren tanto en tiempo y espacio. Por ejemplo, a pesar de la extensión que ocupa el suelo, solamente el 5% se encuentra ocupado por microorganismos. Algo peculiar son los llamados "Hot spots" que son zonas con alta actividad biológica, debido a una acumulación en materia orgánica, por ejemplo, la rizósfera. Varios factores ambientales como lo son la fuente de carbono, minerales, factores de crecimiento, disponibilidad de agua, temperatura, presión, composición del aire, pH, conductividad, potencial oxido-reducción, la genética de los microorganismos, así como su interacción entre otros, pueden afectar tanto la ecología, la actividad y la población de microorganismos asociados al suelo. Otra característica es la capacidad de adsorber moléculas de importancia biológica como moléculas de DNA que pueden llegar a transformar células competentes, es decir, la célula puede adquirir todo o parte de un gen externo y que puede ayudarle a sobrevivir. Por último, la superficie del suelo puede catalizar varias reacciones por la disponibilidad de minerales, entre algunas reacciones están la desaminación, polimerización, policondensación, entre otras (Tomado y modificado de Nannipieri et al., 2003).

La vegetación juega un papel importante en la estructura del suelo porque, las sustancias producidas a través de las raíces sirven de fuente de energía para los microorganismos y confiere estabilidad a los agregados superficiales ante la lluvia protegiendo a los organismos en el suelo. El proceso en la formación de estos agregados no es bien conocido, sin embargo, una acción que contribuye a ello es la interacción en la rizósfera pues en esta zona existe una alta actividad biológica a diferencia de otras zonas del suelo (Rucks *et al.*, 2004).

Todo lo anterior representa un gran desafío para estudiar la alta diversidad de especies microbianas pues, cada microorganismo actúa de forma óptima con diferentes factores fisicoquímicos (Bautista *et al.*, 2004) y en especial los microorganismos asociados a la rizósfera.

2.1. La Rizósfera y sus interacciones con microorganismos edáficos

El termino Rizósfera fue definido por Hiltner (1904), como el volumen de suelo que es influenciado por las raíces de una planta viva pudiendo variar dependiendo del tipo de suelo y especie de planta entre otros factores y que interacciona con una enorme cantidad microorganismos edáficos (Calvo *et al.*, 2008; Salomone, 2011). El término deriva del griego “*rhizo*”, que significa raíz y “*sphere*” que se refiere al entorno. La zona rizosférica es el entorno con mayor actividad física, química y biológica a diferencia de otras zonas del suelo la cual está mediada por varios factores tal como se muestra en la Figura 6 (Sánchez de P., 2006).

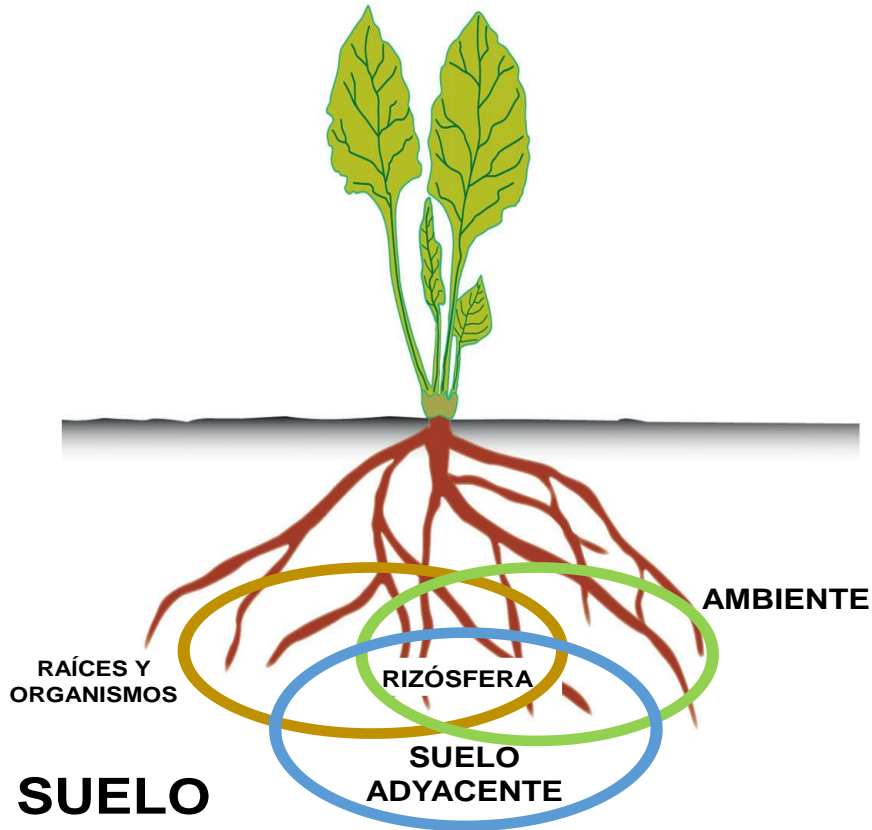


Figura 6. Esquema de los factores que afectan las relaciones en rizósfera.

Esta se encuentra mediada por factores como la raíz, suelo y medio ambiente, estos factores influyen tanto en la estructura del suelo y la interacción planta microorganismo (Tomado y modificado de Berendsen et al., 2012).

La rizósfera es una zona muy rica en microorganismos a diferencia de otras zonas del suelo, esto se debe a que las raíces ejercen un efecto sobre el crecimiento de los organismos a esto se le denomina “efecto rizosférico” y se define como el cociente entre el número de microorganismos en la raíz y el número de microorganismos en suelo no rizosférico. Este efecto varía en cada planta según la especie, el genotipo y las condiciones ambientales (Sánchez, 2006).

Las funciones de la rizósfera son de enorme importancia en la nutrición de la planta, además de influir en la interacción con los microorganismos que ayudan a la salud de la misma. Existe una gran variedad de factores bióticos y abióticos que llegan a afectar la diversidad estructural y funcional de las comunidades bacterianas que podemos encontrar

en la rizósfera. Estos factores pueden ser variados, por ejemplo, pH, clima y temporada estacional, animales, pesticidas y herbicidas o la contaminación de los suelos entre otros (Berg, 2009). La diferencia en la diversidad de microorganismos se debe a la velocidad de crecimiento de estos y su habilidad para utilizar diferentes tipos de sustratos como fuentes de carbono o nitrógeno (Glick, 1995). Además de las interacciones que pueden ocurrir en la rizósfera (Figura 7).

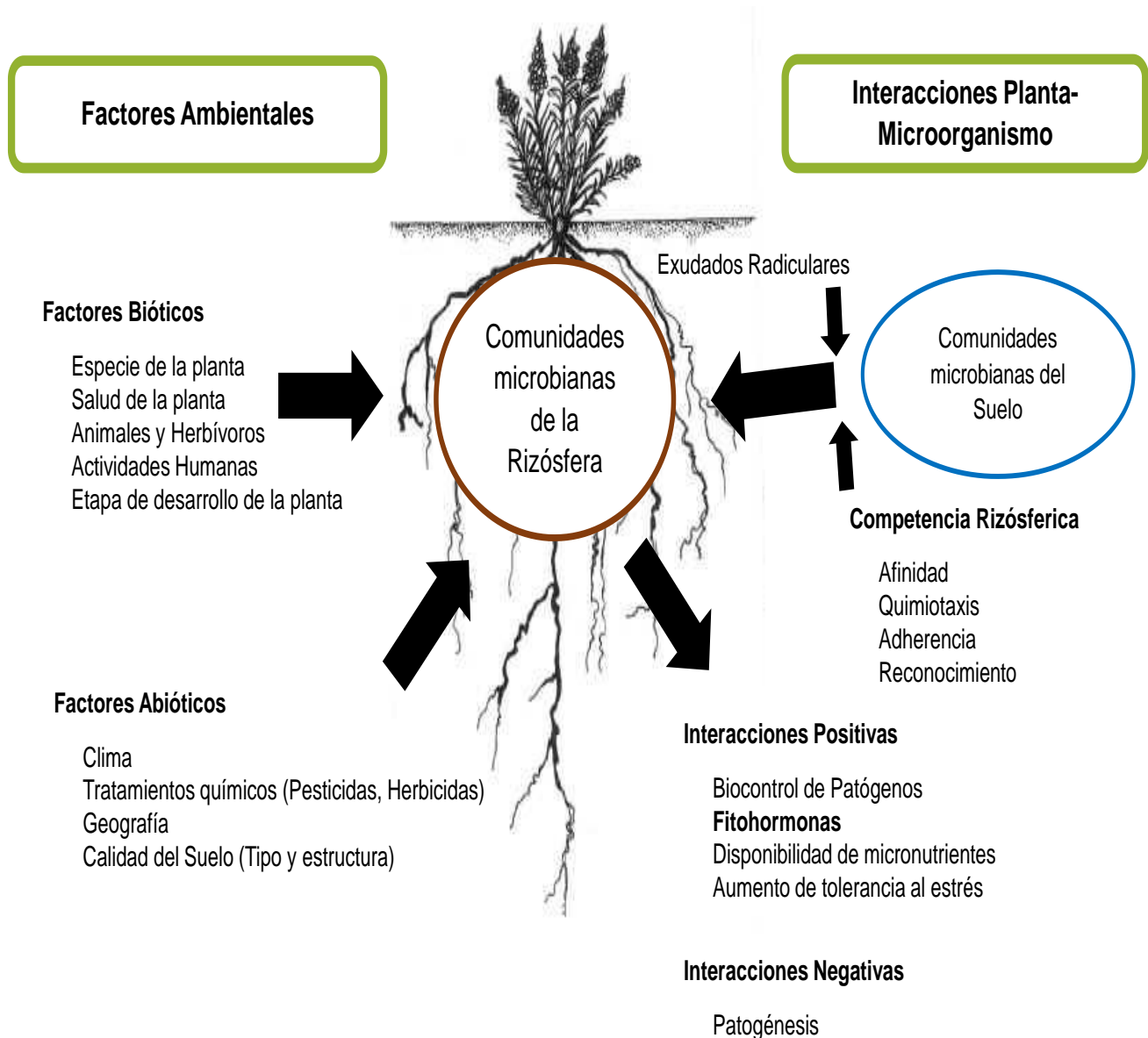


Figura 7. Influencia de los factores ambientales sobre las comunidades microbianas asociadas a la rizósfera.

Las comunidades microbianas del suelo son selectivas a la misma por factores como la especie de la planta (factor abiótico), algunas especies de microorganismos pueden ser más afines a unas especies que otras, tal es el caso de los fitopatógenos. Factores abióticos como el clima puede afectar sus interacciones impidiendo el desarrollo de los organismos. Por otra parte, existen interacciones positivas y negativas que se dan a nivel de raíz afectando a la planta y las asociaciones con otros organismos. Ejemplo del beneficio dado por interacciones positivas pueden ser la protección de la planta ante patógenos, la captación de mayores cantidades de micronutrientes o incluso conferirles tolerancia a diferentes clases de estrés. Algo muy importante son las fitohormonas que pueden llegar a modificar la microbiota del suelo rizósferico que, incluso podría evitar o disminuir las interacciones negativas con los fitopatógenos. (Tomado y modificado de Berg, 2009).

La variabilidad de microorganismos también depende de la región donde se encuentren. La rizósfera no es uniforme y se han delimitado algunas regiones como lo son: rizósfera, rizoplano y endorrizósfera. Siendo la primera la de mayor importancia ya que es la zona con mayor contacto con el suelo. A pesar de esto, en algunos estudios se ha encontrado organismos localizados en mayor proporción o en su totalidad en zonas específicas (Tabla 3) (Sánchez, 2006).

Tabla 2. Organismos encontrados en diferentes regiones de la rizósfera

| Rizósfera | Rizoplano | Endorrizosfera |
|---|---------------------|--------------------------|
| <i>Azotobacter</i> | Beijerinckia | Hongos microrrizos |
| <i>Bacillus</i> | Azospirillum | Rizobios |
| <i>Pseudomonas</i> | <i>Bdellovibrio</i> | Cianobacterias simbiotes |
| Lombrices, colémbolos, ácaros | | Bacterias parásitas |
| Protozoos | | Protozoos parásitos |
| Algas | | Nematodos parásitos |
| Actinomicetos | | Hongos parásitos |
| Nemátodos | | Bacterias saprofitas |
| Hongos Saprofitos | | Endofitos |
| Bacterias Saprofitas | | |
| Bacterias amonificantes y nitrificantes | | |

Tomado y modificado de Sánchez, 2006).

Para el caso de la diversidad microbiana de la rizósfera de *Zea mays* los estudios de (Correa *et al.*, 2016; Li *et al.*, 2014; Bakker *et al.*, 2015) han reportado que los grupos más abundantes son Proteobacterias, Bacteroidetes y Actinobacteria.

Los estudios de (Li *et al.*, 2014) en donde se identificaron genes importantes debido a su función a través de la hibridación de DNA obtenido de la rizósfera de plantas de maíz en un microarreglos con sondas para 57 000 genes demostraron que existen cambios en la estructura genética funcional entre la comunidad bacteriana de la rizósfera y del suelo que se asocia a esta, encontrándose una prevalencia de genes involucrados en la fijación y degradación de carbono, fijación de nitrógeno, amonificación, desnitrificación, biosíntesis y degradación de polifosfato, además de reducción y oxidación de azufre, por lo que se considera a la rizósfera un nicho para soportar una gran diversidad funcional en rutas metabólicas.

2.2. Tipos de microorganismos presentes en suelo

Las herramientas moleculares han permitido investigar la composición de las comunidades microbianas asociadas al suelo. En lo que respecta a bacterias se han encontrado hasta 100 filos diferentes (Tabla 4), siendo los más abundantes Proteobacteria, Acidobacteria y Actinobacteria, aunque, su proporción varía dependiendo del entorno, mientras que los filos Verrucomicrobia, Bacteroidetes, Firmicutes y Chloroflexi están siempre presentes, pero son menos prevalente que los primeros. Aunado a esto, más del 10% de microorganismos presentes en suelo no han sido asignados a algún filo conocido (Aislabie *et al.*, 2013).

Tabla 3. Filos de bacterias dominantes en suelo.

| Filo/Sub filo | Contribución media (%) | Rango (%) | Géneros conocidos |
|--------------------------|------------------------|-----------|--|
| α -Proteobacteria | 19 | 2-43 | <i>Sphingomonas</i> , <i>Bradyrhizobium</i> , <i>Rhodobacter</i> , <i>Rhizobium</i> , <i>Nitrobacter</i> |
| B-Proteobacteria | 10 | 2-31 | <i>Burkholderia</i> , <i>Nitrospora</i> , <i>Methylomonas</i> |
| Γ -Proteobacteria | 8 | 1-34 | <i>Pseudomonas</i> , <i>Azotobacter</i> , <i>Xanthomonas</i> |
| Δ -Proteobacteria | 2 | 0-10 | <i>Desulfovibrio</i> |
| E-Proteobacteria | <1 | 0-1 | <i>Helicobacter</i> |
| Acidobacteria | 20 | 0-35 | <i>Acidobacterium</i> |
| Actinobacteria | 13 | 0-25 | <i>Rhodococcus</i> , <i>Mycobacterium</i> , <i>Streptomyces</i> |
| Verrucomicrobia | 7 | 0-21 | <i>Opitutus</i> |
| Bacteroidetes | 5 | 0-16 | <i>Clostridium</i> , <i>Bacillus</i> |
| Firmicutes | 2 | 0-7 | |
| Chloroflexi | 3 | 0-16 | |
| Planctomycetes | 2 | 0-8 | |
| Otros grupos | 5 | 2-10 | |
| Desconocido | 2 | 0-13 | |

Tomado y modificado de Aislabie *et al.*, 2013.

Las plantas liberan a la rizósfera algunos residuos provenientes de la fotosíntesis en forma de carbono orgánico a través de exudados radiculares, a este proceso se le conoce como rizodeposición. Estos exudados contienen una gran cantidad de moléculas que pueden ser utilizadas por los microorganismos y transformarlos en compuestos benéficos para ellos mismos o incluso para la planta. Existen una enorme variedad de compuestos y moléculas orgánicas encontradas en exudados radiculares como carbohidratos, ácidos orgánicos, ácidos grasos y esteroides, enzimas, factores de crecimiento, fitohormonas y otros compuestos. Entre las fitohormonas que se han encontrado destacan las auxinas y el etileno las cuales estimulan a muchos procesos dentro de la planta como una compleja red de señalización que incluso repercute en la comunicación planta microorganismo (Sánchez y Prager, 2001).

3. Fitohormonas

3.1. Generalidades y efecto de las fitohormonas sobre la planta

Las fitohormonas son moléculas que actúan a bajas concentraciones, regulan casi todos los procesos de desarrollo y defensa de las plantas. Permiten la transducción de señales ambientales, estimulan el crecimiento de la planta, así como el sistema de defensa contra patógenos, además, regulan las simbiosis con las micorrizas (Pozo *et al.*, 2015).

Estos reguladores de crecimiento se pueden clasificar en seis grupos: auxinas, citocininas, giberelinas, ácido abscísico, etileno (Villanueva, 2008) y recientemente los brasinoesteroides (Nawaz *et al.*, 2017). Aunque existen sustancias que también se han incluido como regulador de crecimiento o como moléculas señalizadoras durante periodos de estrés, por ejemplo, el ácido jasmónico y ácido salicílico. A pesar del estudio que se ha generado con respecto a las fitohormonas, los mecanismos específicos a través de los que actúan no han sido completamente esclarecidos (Figura 8).

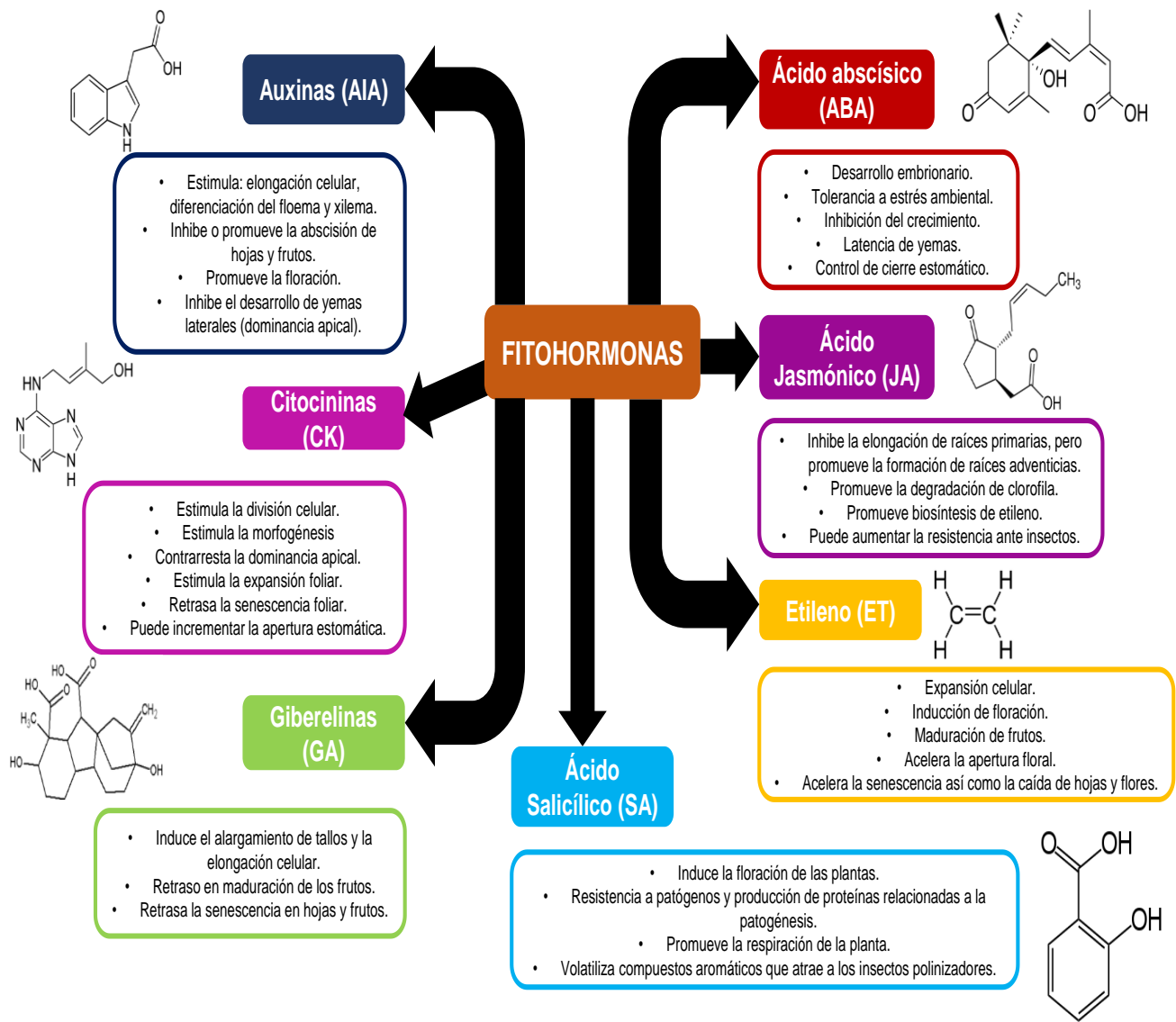


Figura 8. Efecto de las fitohormonas sobre las plantas.

Existen diversas fitohormonas que ayudan a la planta en diferentes procesos tal es el caso de las auxinas (AIA) que estimula el crecimiento de la planta. También se encuentra ácido abscísico (ABA) que puede inhibir el crecimiento. Incluso hay hormonas que inhiben el efecto de otras, tal es el caso de las giberelinas (GA) y el etileno (ET) mientras las giberelinas retrasan la maduración de los frutos el etileno es capaz de madurar los frutos (Tomado y modificado de Hernández, 2012).

Los mecanismos a través de los cuales actúan las fitohormonas son complejos pues es una red donde todas las fitohormonas están involucradas y se regulan entre sí. Los brasinoesteroides son fitohormonas de enorme interés por la cantidad de efectos que causan sobre las plantas, aunque sus efectos y mecanismos son de los menos conocidos (Garciglia *et al.*, 2013).

3.2. Los brasinoesteroides y sus efectos

Los brasinoesteroides (BRs) son compuestos esteroidales que se encuentran en las plantas a muy bajas concentraciones. Los BR se caracterizan por producir un aumento en los ritmos de crecimiento vegetal, mayor rendimiento en la producción de biomasa, aumentar la resistencia de las plantas en condiciones de estrés tales como alta salinidad, sequía, estrés térmico, además de activar mecanismos de resistencia a compuestos químicos utilizados en el campo como plaguicidas y herbicidas, así como a metales pesados (Hayat *et al.*, 2007; Iglesias *et al.*, 1996; Sasse, 1997). Los BRs fueron descubiertos en los años 1970 a partir de polen de la planta de nabo *Brassica napus*, la aplicación del extracto obtenida promovía la elongación y división celular de las plantas (Clouse, 1998). Algunos de los BRs más comunes son la castasterona (CS), brasinolida (BL), homobrasinolida (HBL) (Jordán *et al.*, 2006), aunque se han logrado aislar cerca de 70 compuestos relacionados con los BRs a partir de plantas (Haubrick y Assmann, 2006).

3.2.1. Tolerancia a estrés abiótico

En los últimos años se han realizado estudios tanto en el desarrollo de nuevos brasinoesteroides (Zullo *et al.*, 2013), como el efecto que tienen estos compuestos sobre la planta y las respuestas que estimulan ante diversos tipos de estrés (Figura 9).

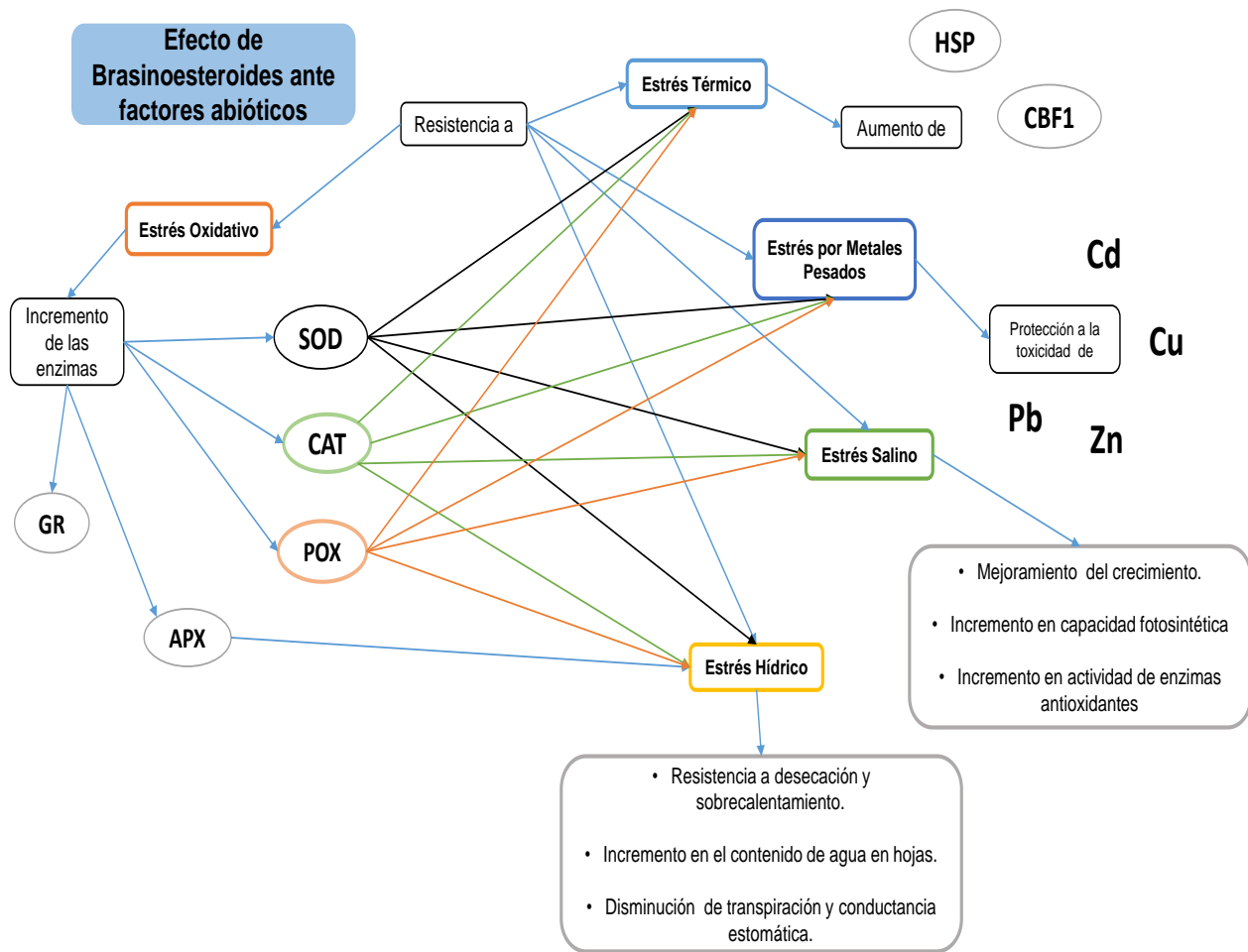


Figura 9. Efecto de Brasinoesteroides ante factores abióticos.

Las especies reactivas de oxígeno son importantes para diversos procesos celulares, entre estos procesos existen algunos mecanismos de protección que evitan la sobreproducción de estas especies. Cuando la concentración de dichas especies excede los niveles normales se le llama estrés oxidativo. Evidencias experimentales revelan que los BRs inducen un incremento en la actividad enzimática de enzimas como lo son catalasa (CAT), peroxidasa (POX), ascorbato peroxidasa (APX), superóxido dismutasa (SOD) y glutatión reductasa (GR). Cabe destacar que no se pueden abordar individualmente cada tipo de estrés pues todo está conectado entre sí, por ejemplo, plantas que se han sometido a estrés térmico estimulan la actividad de las enzimas antes mencionadas, por otra parte; CAT, SOD y POX protegen a la planta en condiciones de estrés salino, incluso se ha informado que también pueden acelerar resistencia ante estrés hídrico. Y, por si fuera poco, otros datos experimentales revelan que plantas que contienen niveles de cadmio y que fueron tratadas con BRs presentan un aumento en las actividades enzimáticas de CAT, SOD y POX (Núñez et al., 2010).

3.2.2. Resistencia a Enfermedades

Desde la década de los 1990s diversas investigaciones han dado a conocer que los BRs incrementan la resistencia a diversas infecciones, por ejemplo, en *Nicotiana tabacum* se encontró una mayor resistencia ante el Virus del Mosaico del Tabaco (TMV por Tobacco Mosaic Virus), *Pseudomonas syringae* y a *Oidium sp*, al parecer el efecto de los brassinoesteroides incrementa la actividad de la respuesta sistémica adquirida (SAR, por Systemic Acquired Resistance) (Nakashita, 2003). Por otra parte, también se ha probado en tubérculos de papa, infectados con *Fusarium sulfuricum* llegando a resultados interesantes donde los tubérculos tratados con brassinoesteroides adquirirían una mayor resistencia a los patógenos (Núñez, 2010). En el caso donde *Arabidopsis thaliana* es tratada con BRs, se induce la defensa ante patógenos a través de la actividad de la quinasa XA21 (Jordán, *et al.*, 2006).

3.3. Novedosos compuestos promotores del crecimiento vegetal.

Algunos compuestos esteroidales generados por parte del grupo de modificación de productos naturales de la Facultad de Ciencias Químicas de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, han llamado la atención de la comunidad científica ya que, se ha encontrado que derivados 22-oxocholestanicos tienen actividad como compuestos que promueven el crecimiento vegetal, por ejemplo, en dos variedades de arroz. Además de que experimentos realizados han sugerido que dichos compuestos poseen alta actividad anticancerígena (Zeferino, *et al.*, 2015), contrario a lo que ocurre con los brassinoesteroides naturales que son altamente citotóxicos para el humano y pueden llegar a desencadenar cáncer en diversas líneas celulares. Sin embargo, los conocimientos sobre los efectos moleculares en las plantas no han sido completamente esclarecidos, así como los efectos que pudieran desarrollar en la microbiota asociada a plantas a las que se les apliquen.

4. Metagenómica para el estudio de los microorganismos

Como ya se ha mencionado anteriormente existe una enorme diversidad de microorganismos en el planeta que pueden habitar cualquier ambiente, sitios con temperaturas inferiores a 0 °C hasta muy cálidos superando incluso los 100 °C, así como en condiciones muy ácidas, o con presiones elevadas. Los métodos tradicionales de aislamiento microbiológico como: los cultivos en medios microbiológicos selectivos, las pruebas bioquímicas y metabólicas no son suficientes para aislar y propagar todos los microorganismos limitándose al conocimiento de menos de 1% de toda la diversidad del planeta. Es necesario acudir a estrategias de última generación que hagan prescindible la necesidad de aislar y cultivar a los microorganismos previo a su identificación, con el aislamiento del material genético de los organismos de un micro hábitat se puede conocer las lecturas de sus secuencias génicas, en una condición determinada al cual se le denomina “metagenoma” (Cadena *et al.*, 2016).

4.1. La secuenciación de nueva generación y el entendimiento del genoma de los organismos

La secuenciación de nueva generación (NGS por sus siglas en inglés) ha tenido un enorme impacto en el desarrollo de las ciencias ómicas, así mismo ofrecen fascinantes oportunidades en diversos campos de estudio. Por varios años se usó el método de secuenciación Sanger, basado en degradación enzimática descrita en 1977 (Sanger *et al.*, 1977) y el método de Maxam y Gilbert basado en degradación química descrito en el mismo año (Maxam y Gilbert, 1977).

Para poder comprender los experimentos que se desarrollaron en este trabajo debemos tener una visión básica de la secuenciación de ADN, la cual es el proceso que logra determinar la secuencia nucleotídica (A, T, C, G) de un fragmento de ADN. Para el caso de la primera generación de secuenciación (reacciones de Sanger, Maxam y Gilbert) de secuenciación se utiliza un fragmento líder del cual se va a ir extendiendo enzimáticamente mediante un cebador que la hibrida usando moléculas que contienen T, C, G, A que servirán para extender las cadenas de un ADN blanco que es copiado muchas veces. Los productos son revelados mediante etiquetas radioactivas o colorantes

fluorescentes (McGinn *et al.*, 2013). Sin embargo, los primeros métodos pioneros tenían limitaciones entre estas: 1) un bajo número de muestras podían ser analizadas paralelamente 2) la automatización de la preparación de la muestra era complicada 3) los fragmentos de ADN que se deseaban secuenciar necesitaban ser clonados dentro de una bacteria 4) la tasa de error era alta y el nivel de sensibilidad estimado era de 10-20 % insuficiente para la detección de alelos mutantes en bajos niveles en los organismos 5) la secuenciación y ensamblaje *de novo* de genomas era difícil 6) los fragmentos de ADN mayores a 700 pb no podían ser secuenciadas (Fakruddin y Chowdhury, 2012), técnicas de secuenciación de nueva generación han permitido aumentar la velocidad y reducir los costos que conlleva conocer la lectura de nucleótidos de un fragmento de ADN o un genoma.

Las NGS están basadas en la adición de bases nitrogenadas usando polimerización de DNA o ligación, con marcadores quimio luminiscentes o fluorescentes que permitan su visualización. Una característica muy importante de la secuenciación de segunda generación es que se usan varias plantillas clónales en paralelo y un proceso de determinación de secuencia usando replicación enzimática (McGinn *et al.*, 2013).

La mayoría de las NGS comparten ciertas características que las convierten en técnicas de alto rendimiento a comparación de la secuenciación de Sanger como lo son:

- Realizar muchas reacciones de secuenciación al mismo tiempo
- Las reacciones son tan pequeñas que algunas casas comerciales las realizan en microchips.
- La velocidad de secuenciación prácticamente se ha reducido llegando a tardar hasta un par de horas.

El incremento en la velocidad de secuenciación de las nuevas tecnologías y la disminución de los costos ha permitido extender sus aplicaciones en la investigación biológica y en múltiples aplicaciones tales como la biomedicina, biorremediación, el entendimiento de la interacción planta-patógeno entre otros tal como se aprecia en la Figura 10.



Figura 10. Campos de estudio donde las NGS han sido utilizadas.

El campo de estudio en el que se pueden aplicar las NGS es bastante amplio y sólo limitado por la imaginación. Si bien estas tecnologías se encuentran fuertemente centradas en el área biomédica para entender temas como el cáncer, enfermedades desconocidas o emergentes, así como salud humana en general (Fernández, 2016), no se encuentra limitada a estas áreas.

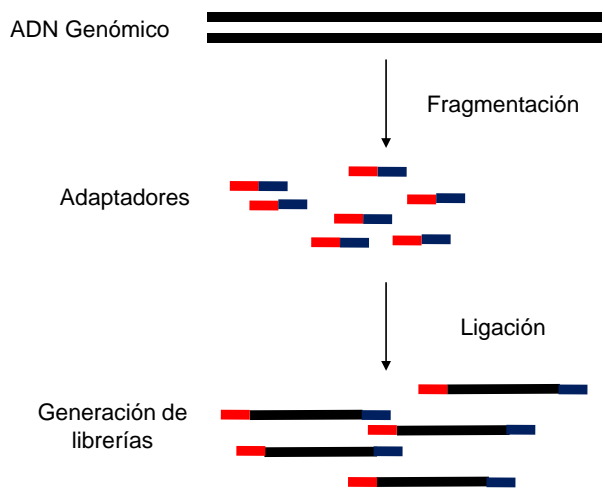
4.2. Tecnología de Secuenciación Illumina: Secuenciación por síntesis

Durante 1997 diversas discusiones rodeaban el uso de la secuenciación masiva de lecturas cortas usando el método de secuenciación en fase sólida por terminadores reversibles (que posteriormente sería llamada secuenciación por síntesis o bien SBS por sus siglas en inglés). Esto dio paso a nuevos enfoques hacia la secuenciación masiva de ADN. En 1998 Shankar Balasubramanian y David Klenerman desarrollan el método SBS y fundaron Solexa donde encaminaron su trabajo a la investigación y desarrollo en el departamento de Química de Cambridge; en 2004 Solexa adquirió tecnología molecular agrupada de Manteia lo que favoreció la amplificación de ADN con mayor la fidelidad y precisión reduciendo costos. Hacia 2005 se logra secuenciar el genoma completo del bacteriófago phiX-174 el mismo genoma que fue secuenciado por el método Sanger a diferencia que la tecnología SBS generó más información aumentando cerca de 3 millones de bases en una sola corrida. En 2006 Solexa lanza el primer secuenciador el “Genome Analyzer” dando a la comunidad científica la capacidad de secuenciar 1 gigabase (Gb) de información en una sola corrida. En 2007 Solexa fue adquirida por Illumina, Inc que, en los siguientes años, una gran cantidad de genomas de organismos como plantas, humanos, animales, microorganismos han sido secuenciados por esta tecnología. Las tecnologías NGS y sus archivos de salida siguen la ley de Moore como la mayoría de la tecnología aumentando más del doble por año (Illumina, Inc, 2017).

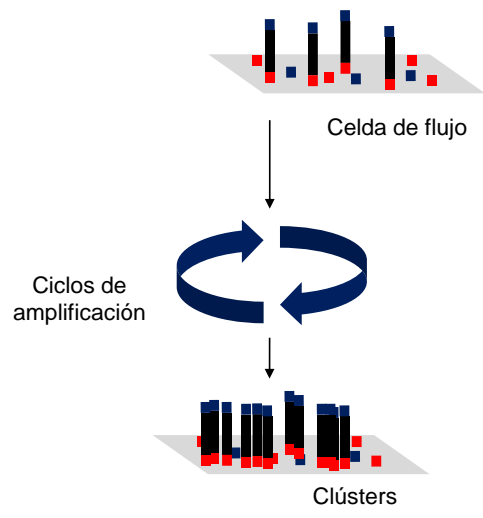
El método de secuenciación por síntesis (SBS) es similar a la secuenciación tipo Sanger a diferencia de usar dNTPs modificados que contienen un terminador que bloquea la polimerización adicional, es decir, solamente una base puede ser añadida por una enzima polimerasa a cada hebra de copia de ADN en crecimiento. La reacción se produce simultáneamente en un número de varios millones de diferentes moléculas “molde” que se encuentran distribuidas sobre una superficie sólida. Los terminadores antes mencionados contienen un marcador fluorescente que es detectado por una cámara y sólo se utiliza un color fluorescente por base por lo tanto cada base debe agregarse en un ciclo separado. Una vez añadidos los dNTPs las imágenes son registradas y se eliminan los terminadores a esto se le llama “terminadores reversibles”. Finalmente se inician cuatro ciclos más de adiciones de dNTP ya que se añaden bases simples a todas las plantillas

de forma uniforme para que el proceso de secuenciación produzca lecturas de secuencia de ADN de longitudes uniformes (Brown, 2012). La tecnología de Illumina y su flujo de trabajo se pueden resumir en cuatro pasos básicos (Figura 11):

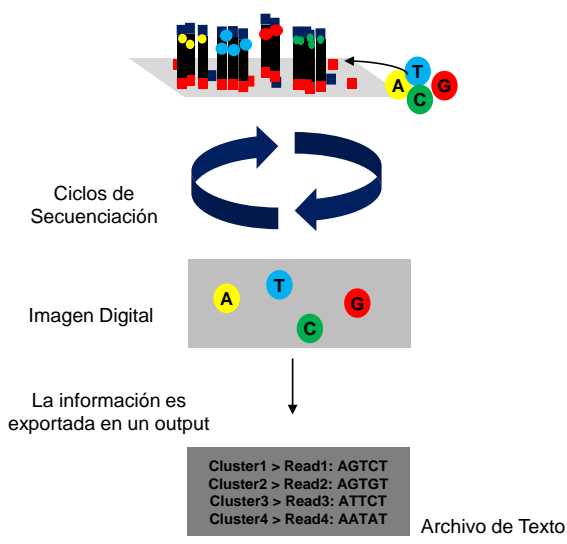
A. Preparación de la librería



B. Amplificación del Clúster



C. Secuenciación



D. Análisis de la información

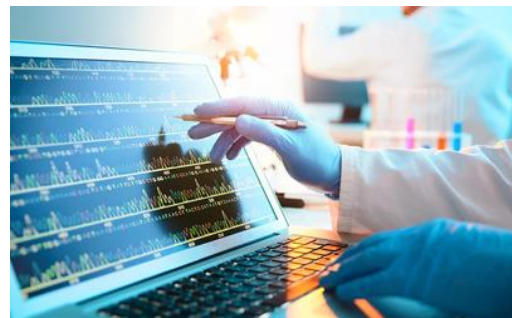


Figura 11. Flujo de trabajo Tecnología Illumina

La tecnología Illumina puede dividirse en cuatro pasos A) Preparación del material genético puede ser bien DNA o cDNA alternadamente se combinan reacciones de fragmentación y ligación en un solo paso incrementando la eficiencia en el proceso de preparación de librería B) Los fragmentos de material genético son capturados en la placa de flujo celular mediante oligos complementarios (adaptadores), cada fragmento anclado es amplificado mediante una amplificación en puente. Cuando los clusters están terminados la muestra está lista para ser secuenciada, C) Illumina usa terminadores reversibles para detectar las bases que son incorporadas en las cadenas de ADN. Existen cuatro terminadores (uno por cada base) el resultado es altamente preciso y leído mediante una cámara D) finalmente esta información se deposita en archivos FASTA que contienen la información de las cadenas que se leyeron, el siguiente paso son los análisis bioinformáticos dependiendo del material genético usado se puede realizar análisis filogénicos, genómicos, metagenómicos, transcriptómicos, entre otros. Tomado y modificado de (Illumina, Inc., 2016); Imagen D tomada de <http://www.bioplatforms.com/bioinformatics-training/>.

4.2.1. Tecnología MiSeq de Illumina

La plataforma MiSeq fue lanzada a finales del 2011, esta tecnología puede generar 150 pb de lecturas secuenciadas con un total de 1.5- 2 Gb por corrida, mediante la SBS. Además, integra las funciones de la generación de clusters, SBS y análisis de datos en un solo instrumento y puede ser analizada en unos cuantos días (incluso 8 horas). Más de 750 publicaciones a la fecha han utilizado este sistema pues es ideal, rápido y el costo es factible acorde a la información que provee. En alto rendimiento, MiSeq puede producir hasta 15Gb de salida de 50 millones de lecturas a una longitud de 300 pb. Los cuatro dNTPs terminales se encuentran presentes en cada ciclo de secuenciación, esta característica minimiza el sesgo de incorporación y reduce enormemente las tasas de errores brutos. Diversos estudios han utilizado MiSeq ya que se puede lograr una sensibilidad a nivel de especie para el estudio de poblaciones en metagenómica; esto ha permitido a investigadores entender las influencias ambientales y las interacciones que sufren los diferentes entornos (agua, suelo, aire, estomago humano) y por tanto se ha establecido que los estudios metagenómicos constituyen una de las muchas áreas que pueden ser analizadas mediante MiSeq permitiendo una amplia gama de aplicaciones para las ciencias ómicas.

Comparado con el sistema Hiseq2000 de Illumina que puede tardar en promedio 10 días, el sistema MiSeq demoraría solamente un día (Tomas *et al.*, 2012), adicionalmente la optimización de la preparación de las librerías del sistema MiSeq hacen de este una excelente opción para las aplicaciones de secuenciación (Schimer *et al.*, 2016).

Posterior a las técnicas de secuenciación de segunda generación han nacido nuevas tecnologías que buscan cubrir las desventajas de sus predecesoras, diversas compañías han desarrollado y optimizado su propio método, en la Tabla 6 se muestra un comparativo de varias plataformas de secuenciación, así como datos sobre el costo de secuenciación, tiempo de secuenciación y la cantidad de datos generados.

Tabla 4. Especificaciones técnicas de algunas plataformas NGS.

| Plataforma | Illumina MiSeq | Illumina GAIIx | Illumina HiSeq 2000 | Ion Torrent PGM | PacBio RS |
|---|-----------------------|-----------------------|----------------------------|------------------------|------------------|
| Costo* | \$ 128 K | \$256 K | \$654 K | \$80 K | \$695 K |
| Rendimiento de secuencia por corrida | 1.5-2 Gb | 30 Gb | 600 Gb | Desde 20 Mb a 1 Gb | 100 Mb |
| Costo de secuenciación por Gb | \$502 | \$148 | \$41 | \$1000 | \$2000 |
| Tiempo de corrida | 27 horas** | 10 días | 11 días | 2 horas | 2 horas |
| Precisión reportada | Generalmente > Q30 | Generalmente > Q30 | Generalmente > Q30 | Generalmente Q20 | <Q10 |
| Tasa de error observada | 0.80 % | 0.76 % | 0.26 % | 1.71 % | 12.86 % |
| Longitud de Read | Hasta 150 bases | Hasta 150 bases | Hasta 150 bases | ~200 bases | En promedio 1500 |
| Paired reads | Sí | Sí | Sí | Sí | No |
| Tamaño del inserto | Hasta 700 bases | Hasta 700 bases | Hasta 700 bases | Hasta 250 bases | Hasta 10 kb |
| Cantidad de DNA requerida | 50-1000 ng | 50-1000 ng | 50-1000 ng | 100-1000 ng | ~1 µg |

*Todos los cálculos de costos están basados en cotizaciones de precios en la lista obtenida del fabricante y asumen el rendimiento esperado de la secuenciación.

**Incluye dos horas de generación de clúster (Mencionado en Figura 11).

Tomado y modificado de Quail, *et al.*, 2012.

4.3. De la genómica a la metagenómica

Las NGS son de gran utilidad y ofrecen un panorama amplio de la información que podemos obtener de microorganismos que a nivel laboratorio aún es imposible de aislar. La enorme capacidad de estas tecnologías da origen a un potente campo de trabajo conocido como “metagenómica” que combina una serie de técnicas moleculares que han ido creciendo en el último siglo, lo cual ha favorecido al estudio y descubrimiento de la diversidad microbiana proveniente de diversos hábitats (suelo, agua, aire, entre otros) así como sus interacciones con otros organismos (LANGER *et al.*, 2006). El término “metagenómica” fue acuñado en 1998 por Handelsman e implica esencialmente la secuenciación por fuerza bruta de fragmentos de DNA obtenidos de un micro ecosistema seguido por la bioinformática. Además, la metagenómica es una aproximación para entender los procesos biológicos a nuevos niveles como entender las relaciones moleculares que se dan en una comunidad bacteriana en determinados ecosistemas aplicando un conjunto de tecnologías genómicas y herramientas bioinformáticas (Handelsman *et al.*, 1998). Dentro de esta ciencia ómica podemos dividirla en metagenómica, metatranscriptómica, meta proteómica y metabolómica que pueden ser explotadas para describir la organización de las comunidades microbianas en una gran cantidad de entornos para así poder descubrir nuevos organismos, genes y enzimas de interés industrial (Genti, 2013), estas relaciones pueden inferirse realizando mapeos del genoma, así mismo se puede deducir la función del gen o proteína mediante bases de datos como lo son NCBI, KEGG, entre otras (Segata-Boernigen *et al.*, 2013).

Con la metagenómica podemos conocer qué organismos se encuentran en una muestra (bacterias, hongos, virus, protozoos), cuál es su función bajo condiciones específicas (factores bióticos y abióticos) y cómo pueden estar presentes en esas condiciones (Figura 12).

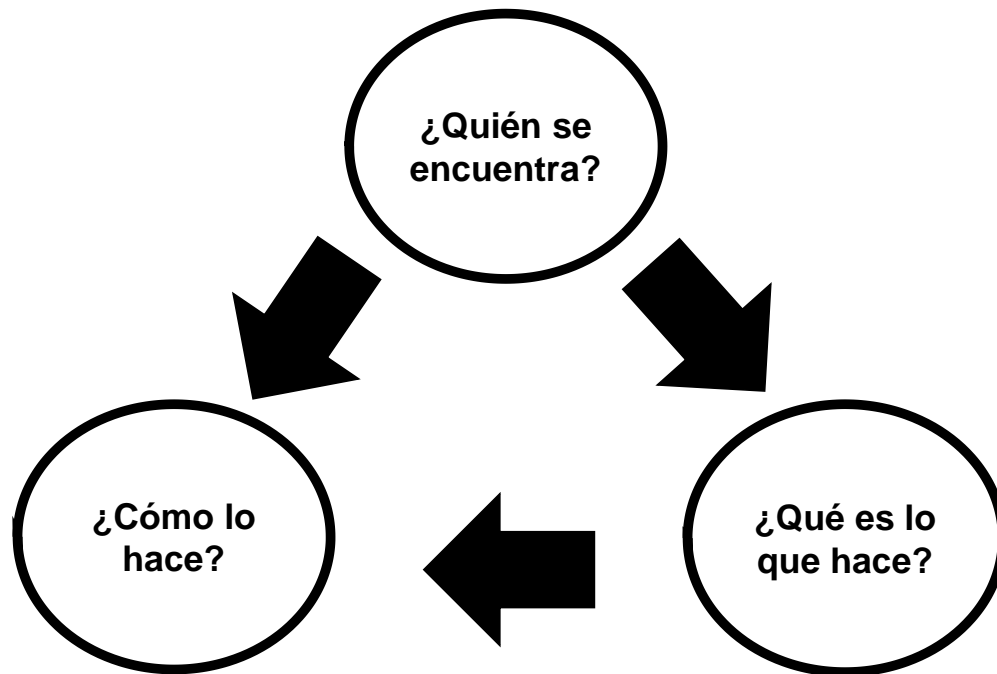


Figura 12. ¿Qué nos puede decir metagenómica?

Mediante la bioinformática podemos responder la pregunta ¿Quién está ahí?, comparando las secuencias obtenidas con otras especies secuenciadas y aisladas. Debido a que estas secuencias están presentes en proporción aproximada a la frecuencia poblacional de cada microorganismo, se puede inferir la abundancia relativa en un metagenoma. Todos los organismos vivimos en simbiosis con miles de millones de especies de microorganismos que habitan externa e internamente de otros como, por ejemplo, humanos, animales o plantas formando lo que se le denomina como "microbioma". El microbioma no se encuentra restringido a sistemas biológicos, diversos estudios metagenómicos están investigando ecosistemas complejos como lo son el suelo, minas, atmósfera, permafrost y el océano. La secuenciación de los metagenomas puede utilizarse para descubrir microorganismos nuevos, así como sus posibles genes y estos a su vez pueden llegar a ser de interés biotecnológico.

La metagenómica es una técnica compleja de trabajo de laboratorio como computacional (bioinformática). Inicia con la toma de muestra, desde muestras ambientales como permafrost, ríos contaminados, microbiomas de nichos complejos como el estómago humano. Posterior a la toma de muestra se procede a realizar la extracción de DNA. A partir de este punto existen diferentes formas de realizar la secuenciación del metagenoma, uno de los primeros métodos consistía en clonar el DNA en vectores para la construcción de una "genoteca" como lo describe (Courtois *et al.*, 2003); sin embargo, hoy en día esto resulta obsoleto debido al costo que incluye la clonación en los vectores y su posterior protocolo de lisis y extracción y segundo consiste en que, ciertos genes que se insertan en el vector pueden causar toxicidad en el huésped matándolo. De esta forma

existen dos métodos el análisis mediante OTUs (Operational Taxonomic Unit) y el análisis del DNA total (Figura 13).

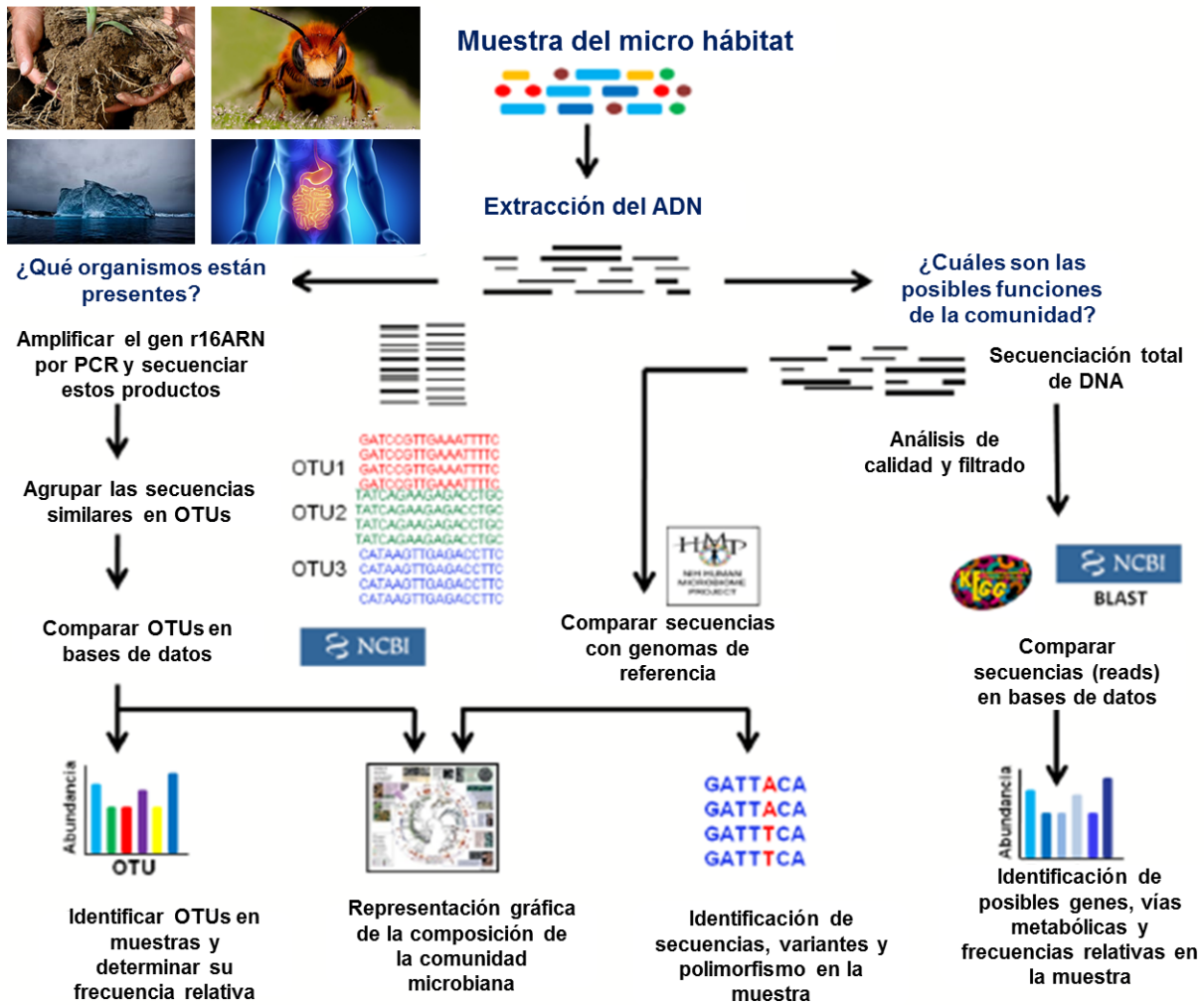


Figura 13. Esquema básico de un pipeline metagenómico de dos vías.

En el análisis mediante OTUs amplificamos por PCR genes como el del 16S después se procede a la secuenciación de estos amplicones, por la vía de secuenciación total, evitamos realizar PCR y directamente se secuenciaría el DNA total que se extrajo. Esto nos dará la facilidad de ensamblar genes de la biblioteca metagenómica hasta poder hacer una reconstrucción metabólica para fines biotecnológico a diferencia del análisis mediante OTUs que solamente se amplificó el 16S por ejemplo y se encuentra limitado a este mismo, dándonos un panorama de la diversidad bacteriana únicamente pues microorganismos como levaduras y mohos no tienen 16S es decir, se tendría que analizar por separado cada tipo de organismo, así como la abundancia de especies que se encuentran en esa muestra y bajo esas condiciones (Tomado y modificado de Genti, 2013).

4.4. Metagenómica aplicada al estudio de la rizósfera del maíz

Las especies vegetales están en constante interacción con una gran cantidad de microorganismos que establecen diversas relaciones entre planta y microorganismo. Estas relaciones pueden ser benéficas o perjudiciales para la planta (Cadena *et al.*, 2016).

Hasta el momento, se han realizado numerosos estudios metagenómicos a la rizósfera de maíz (*Zea mays*) tales como los desarrollados por Dohrmann y colaboradores (2013) que compararon la diversidad bacteriana en maíz Bt y dos variedades más; en los estudios de Li y colaboradores (2014) analizaron cómo se comporta la diversidad bacteriana en plantas de maíz, analizando cuales son los taxones más abundantes en diferentes fases de desarrollo de la planta. Los mismos autores el mismo año realizan un estudio para conocer las comunidades microbianas e identificaron genes importantes para entender las capacidades metabólicas de la rizósfera del maíz. Los estudios más recientes son los de Correa y colaboradores (2016) en donde describió la diversidad bacteriana de la rizósfera de maíz. Por otra parte, De la Cruz y equipo (2017) describieron como los cambios en las características del suelo afectan la estructura de la comunidad bacteriana, así como la abundancia de bacterias implicadas en la degradación de materia orgánica.

Sin embargo, para la realización de los estudios antes mencionados se basaron en la amplificación del 16S, dejando un sesgo al no considerar la presencia de otros microorganismos tales como hongos y virus. La amplificación del 16S tiene desventajas entre ellas la formación quimeras en los productos de amplificación por PCR, esto debido a los posibles errores de la enzima polimerasa (Haas *et al.*, 2011), el apareamiento incorrecto de los cebadores para amplificar el fragmento 16S por lo cual, se pierden OTUs raros, por otra parte, los análisis ofrecen una limitación en el análisis funcional. Por su parte la metagenómica al usar todo el DNA de una muestra lo que permite hacer una clasificación taxonómica y funcional mucho más amplia incluyendo una mayor cantidad de organismos como archaea, virus, hongos y eucariontes.

III. JUSTIFICACIÓN: IMPACTO SOCIAL, TECNOLÓGICO, ECONÓMICO Y AMBIENTAL.

Impacto social. – El entendimiento de los compuestos promotores de crecimiento vegetal tienen una gran relevancia en el área agronómica pues, se ha observado que estimulan el crecimiento vegetal y por otra parte confieren resistencias al estrés abiótico, no obstante, es relevante conocer el efecto que tienen dichos compuestos sobre los microorganismos de suelo.

Impacto tecnológico. – En esta investigación se emplea secuenciación de nueva generación como herramienta para conocer la diversidad de microorganismos asociados al suelo rizosférico de plantas de maíz, puesto que las técnicas microbiológicas tradicionales no son suficiente para describir la enorme diversidad microbiana.

Impacto económico. - El conocimiento de los microorganismos presentes en el suelo rizosférico de plantas de maíz permite entender el efecto que causan los compuestos promotores de crecimiento vegetal pues estos pueden brindar protección ante patógenos o permitir la proliferación de microorganismos benéficos para las plantas con lo cual se reduciría el costo de pesticidas y agroquímicos

Impacto ambiental. - Los compuestos usados en la investigación son considerados novedosos y por las cualidades que le confieren a la planta, son una alternativa al uso de productos químicos convencionales que son dañinos al ambiente y a los organismos cercanos.

IV. HIPÓTESIS

Los compuestos promotores del crecimiento vegetal aBss4 y aBss8/18 usados en la investigación modifican la diversidad microbiana del suelo rizosférico de plantas de una variedad nativa de maíz (*Zea mays*).

V. OBJETIVOS

Objetivo General

Analizar el efecto que tienen los promotores de crecimiento vegetal aBss4 y aBss8/18 en la diversidad microbiana asociada a suelo rizosférico de plantas de una variedad nativa de maíz.

Objetivos Específicos

Preparación y secuenciación de bibliotecas Miseq a partir del ADN proveniente de suelo asociado a la rizósfera de plantas de maíz tratadas con los promotores de crecimiento vegetal aBss4 y aBss8/18.

Determinar y comparar la diversidad y abundancia relativa microbiana de suelo asociado a la rizósfera a partir de suelos tratados con los compuestos promotores de crecimiento mediante herramientas bioinformáticas.

Determinar y comparar los genes y rutas metabólicas presentes en las muestras tratadas y no tratadas con los promotores.

VI. MATERIALES Y MÉTODOS

1. Ubicación geográfica de los sitios de muestreo

Las muestras de suelo hortícolas fueron recolectadas en el mes de agosto de 2016, en una zona aledaña a la laguna de Valsequillo con las coordenadas $18^{\circ}55'45.26''$ N $98^{\circ}11'04.10''$ O a una altura de 2053m.n.m perteneciente al municipio de San Francisco Totimehuacan en el estado de Puebla (Figura 14).

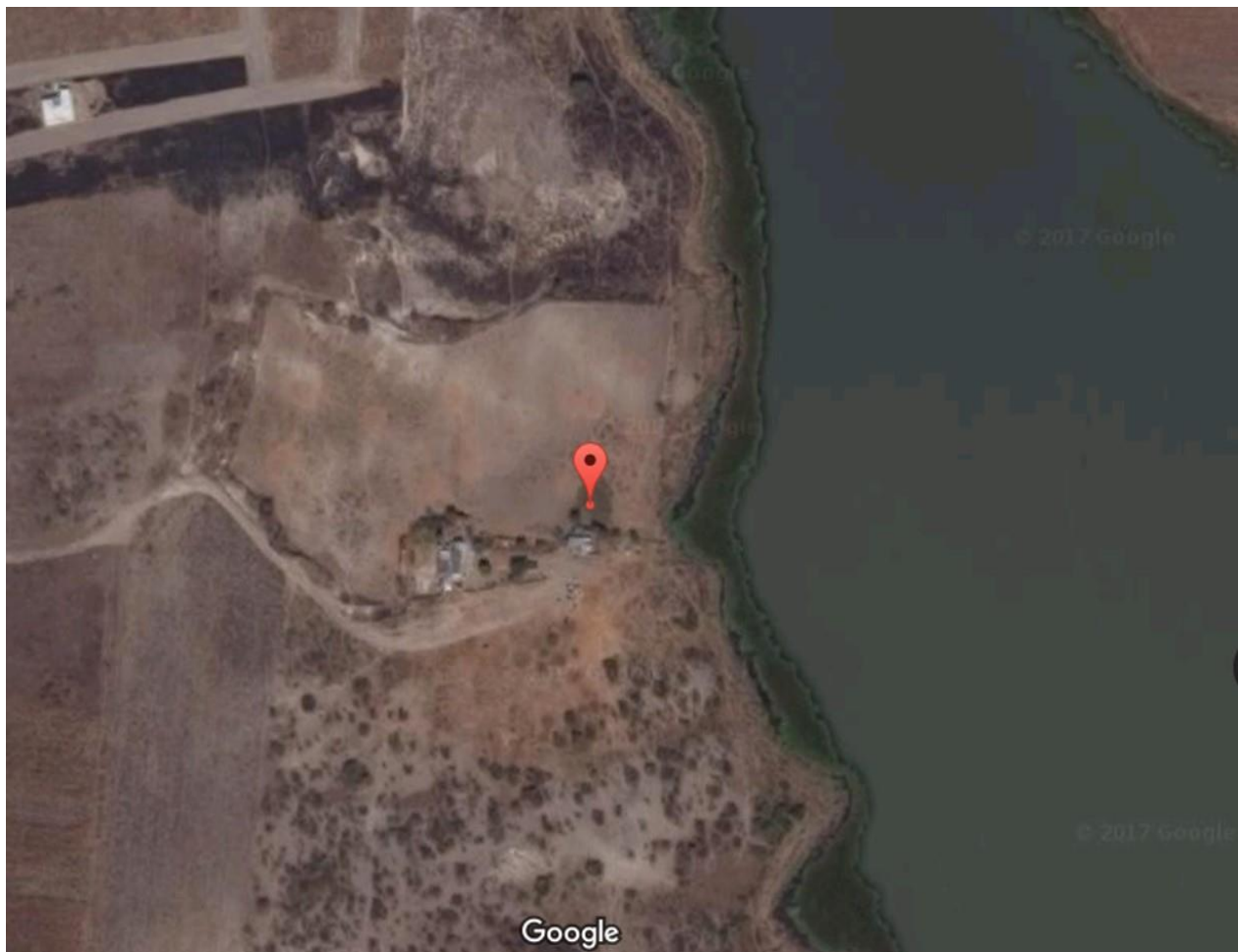


Figura 14 Localización Geográfica del sitio muestreado de Valsequillo.

El sitio de muestreo corresponde a una parcela con plantación de una variedad nativa de maíz. Esta parcela fue dividida en tres secciones diferentes en las que se sembraron semillas de maíz que habían sido imbibidas en agua o con los Promotores de Crecimiento Vegetal (PCV) aBss4 y aBss8/18.

Para la recolección de suelo asociado a la rizósfera de plantas de maíz tratadas con los compuestos promotores de crecimiento vegetal y los no tratados (control) se seleccionaron 5 plantas de cada tipo (aBss4, aBss8/18 y Control), se recolectó una muestra de aproximadamente 500 gramos a una profundidad aproximada de 20 cm. Las muestras fueron colocadas en bolsas y almacenadas a temperatura ambiente hasta su procesamiento en el laboratorio. En total se tomaron 15 muestras, 5 correspondientes a suelo rizosférico designadas como Control (sin tratamiento), 5 para suelo rizosférico con tratamiento con el compuesto aBss4 y 5 para suelo de plantas tratadas con el compuesto aBss8/18.

Las muestras fueron llevadas al laboratorio del Jardín Botánico Universitario de la Universidad Autónoma de Puebla en donde se procedió con los experimentos.

2. Extracción y purificación del ADN total

Para realizar la extracción del DNA de suelo asociado a la rizósfera, se juntaron las cinco muestras de cada tratamiento y se realizó la homogenización del suelo, a su vez se eliminaron restos de tejidos de raíz, insectos, rocas, etcétera, para tener una muestra representativa de los microorganismos presentes en el suelo, se disolvieron 100 gramos de éste en 100 mL de agua destilada estéril, se mantuvo en agitación durante 45 minutos, posteriormente se tomaron alícuotas de 1 mL en tubos, se centrifugó a 10,000 rpm por 1 minuto se desechó el sobrenadante, éste proceso se repitió hasta obtener 0.25 gramos de suelo. El DNA de cada muestra se obtuvo usando el kit de extracción (PowerLyzer) PowerSoil DNA Isolation Kit (Zymo Research, USA) siguiendo las instrucciones del fabricante. La calidad del material genético se analizó mediante electroforesis en gel de agarosa al (1%). Las condiciones de la electroforesis fueron 90 voltios por 35 minutos; finalmente se visualizaron los resultados mediante un fotodocumentador.

2.1. Preparación de librerías y secuenciación

La calidad e integridad del DNA extraído anteriormente fue corroborada en el departamento de Secuenciación masiva del INECOL (Instituto de Ecología A.C., departamento de Estudios Moleculares Avanzados, Xalapa), las librerías metagenómicas fueron preparadas utilizando el kit Nextera- XT Index Kit v2 Set A (96 Índices 384 Samples) (Illumina, Inc, USA) siguiendo las instrucciones del fabricante y su secuenciación se realizó utilizando el sistema MiSeq de Illumina. Para asegurar que la profundidad de secuenciación era la adecuada se llevaron a cabo dos corridas de secuenciación. Los datos de las lecturas sin procesar se resumen en la Tabla 6.

Tabla 5. Estadísticas de secuenciación.

| Librería | Tamaño de lectura | Lecturas | Número de Bases | Tamaño de las librerías en Gigabytes |
|----------------------------------|-------------------|------------|-----------------|--------------------------------------|
| 04_S3_L001_R1_001.fastq | 450±146 | 16,907,480 | 5,166,238,168 | 5,7Gb |
| 04_S3_L001_R2_001.fastq | 450±146 | 17,895,689 | 5,010,041,405 | 5,7Gb |
| 04_S3_L001_R1_001_new.fastq | 450±146 | 16,254,805 | 4,623,333,472 | 5,2Gb |
| 04_S3_L001_R2_001_new.fastq | 450±146 | 16,778,724 | 4,545,888,757 | 5,3Gb |
| 18_S2_L001_R1_001.fastq | 450±146 | 16,931,161 | 5,016,595,554 | 5,5Gb |
| 18_S2_L001_R2_001.fastq | 450±146 | 18,038,027 | 4,862,535,030 | 5,6Gb |
| 18_S2_L001_R1_001_new.fastq | 450±146 | 18,810,477 | 5,191,742,031 | 5,9Gb |
| 18_S2_L001_R2_001_new.fastq | 450±146 | 19,379,819 | 5,133,480,123 | 6,0Gb |
| Control_S1_L001_R1_001.fastq | 450±146 | 21,368,793 | 6,507,731,263 | 7,1Gb |
| Control_S1_L001_R2_001.fastq | 450±146 | 22,556,826 | 6,318,436,093 | 7,2Gb |
| Control_S1_L001_R1_001_new.fastq | 450±146 | 20,439,061 | 5,792,508,083 | 6,5Gb |
| Control_S1_L001_R2_001_new.fastq | 450±146 | 21,081,395 | 5,701,094,165 | 6,6Gb |

2.2. Análisis bioinformáticos y estadísticos

En el siguiente esquema (Figura 15) se muestra el flujo de trabajo que se siguió para realizar el análisis metagenómico de las muestras secuenciadas. Los scripts usados a lo largo del esquema se detallan en el Anexo A.1-A.9.

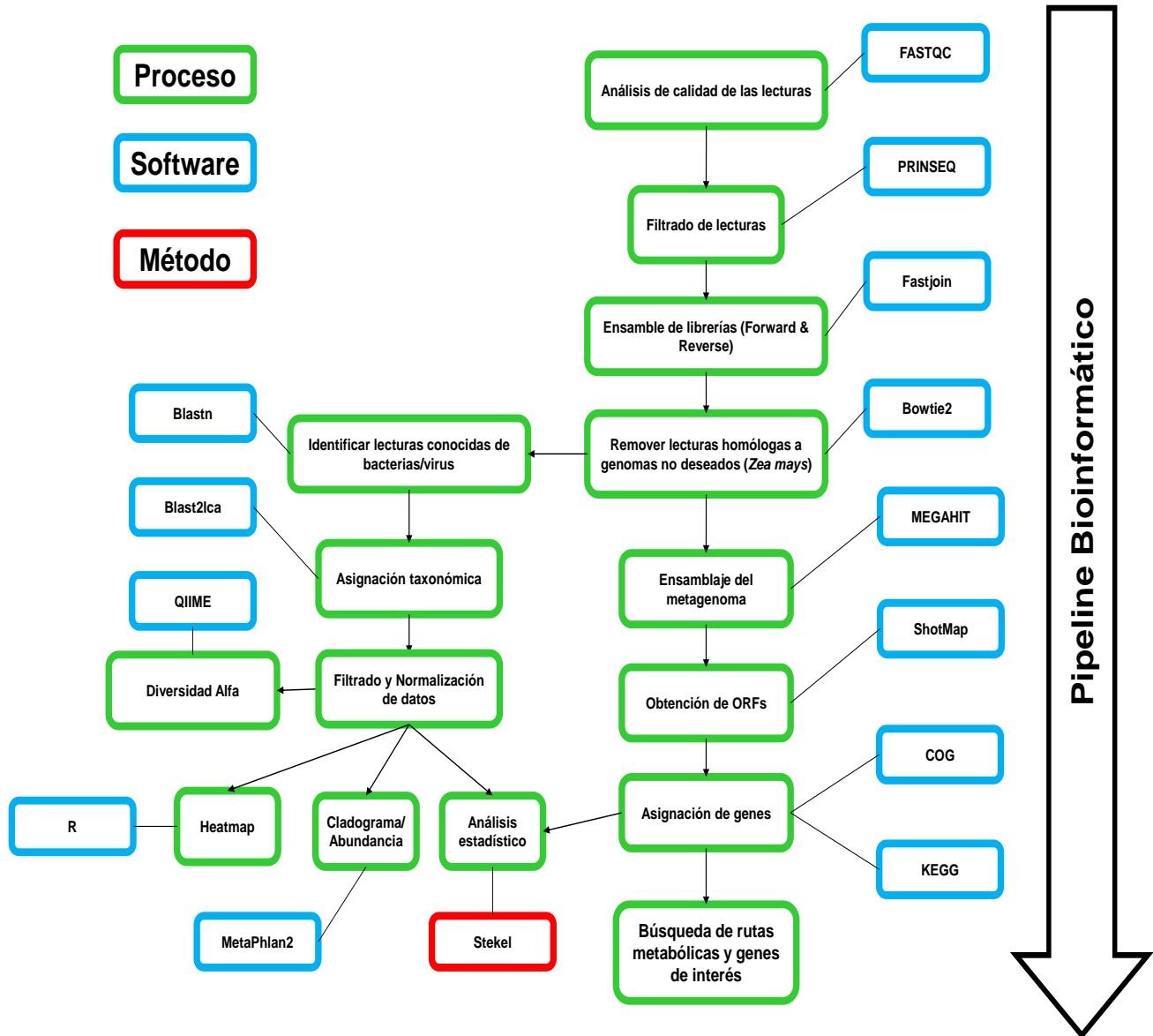


Figura 15. Diagrama de flujo de pasos a seguir para los análisis bioinformáticos y estadísticos.

Este flujo de trabajo ha sido desarrollado de tal manera que se pueda trabajar de forma, ordenada y eficaz. Teniendo en cuenta que los Raw Reads (lecturas sin limpiar) son los archivos de salida de la secuenciación mediante Miseq en el formato fastq. Una vez que se obtienen los ficheros de salida correspondientes a los tratamientos denominados aBss4, aBss8/18 y un control, se procedió a realizar cada proceso marcado en la figura (Verde) utilizando un software específico para cada etapa (azul).

2.2.1. Control de calidad y pre-procesamiento de librerías metagenómicas

Existen varias aplicaciones que podemos usar como PRINSEQ versión (PReprocessing and INformation of SEquences) que es un programa que permite comprobar de manera eficiente la calidad de los datos además de prepararlos para sus análisis posteriores. Este programa nos revela si la secuenciación fue realizada correctamente o si tiene errores en la preparación de ADN. Además, el programa es capaz de manejar la gran cantidad de datos que los secuenciadores generan y hacen del proceso más accesible para los laboratorios (Schmieder y Edwards, 2011).

La calidad de los archivos obtenidos de la secuenciación por MiSeq fue analizada con el programa FastQC versión 0.11.5 (Andrews, S., 2010) después se procedió los archivos del mismo tratamiento procedentes de las dos corridas realizadas, por ejemplo, el archivo 04_S3_L001_R1_001.fastq se unió con 04_S3_L001_R1_001_new.fastq realizando el mismo procedimiento con las librerías restantes teniendo un total de ocho ficheros, dos para cada tratamiento puesto que son librerías paire-end. Posterior al análisis de calidad los archivos de salida se filtran mediante el programa informático PRINSEQ (Schmieder y Edwards, 2011) (PReprocessing and INformation of SEquences) versión 0.20.4 usando los comandos descritos en el ANEXO A.1.1 con la finalidad de descartar las secuencias con baja calidad (menor o igual a 20) y de longitud corta (menos de 50 pb). Una vez que se eliminan estas secuencias, los archivos de cada librería se unieron entre R1 Y R2 (correspondiente a las dos lecturas que se generan durante el proceso de secuenciación) con ayuda del programa Fastjoin (Wang *et al.*, 2011). La Tabla 7 resume el contenido de las librerías después de ser filtradas.

2.2.2. Filtrado de lecturas homologas a *Zea Mays* usando BOWTIE2

Con la finalidad de filtrar lecturas homologas a maíz (*Zea mays*), se obtuvo de la base de datos NCBI (National Center for Biotechnology Information, USA) la secuencia del genoma de referencia de la variedad de maíz B73 *Zea mays* (assembly B73 RefGen_v4). Las lecturas de las librerías se mapearon contra este genoma utilizando el programa Bowtie2 (Langmead and Salzberg, 2012) con la línea de comandos descrita en el ANEXO A.2. Todas las secuencias que se fueron homologas al genoma del maíz fueron eliminadas.

Tabla 6. Resumen de control de calidad de las librerías secuenciadas de suelo asociado a rizósfera de maíz

| Librería | Lecturas | Tamaño en Gb | Join | post-QC | Tamaño en Gb | BOWTIE2 |
|-------------------|------------|--------------|----------|------------|--------------|------------|
| aBss4_R1.fastq | 17,966,816 | 11Gb | | | | |
| aBss4_R2.fastq | 17,889,345 | 11Gb | aBss4 | 24,11,856 | 17Gb | 24,094,256 |
| aBss8/18_R1.fastq | 19,416,320 | 12Gb | | | | |
| aBss8/18_R2.fastq | 19,334,507 | 12Gb | aBss8/18 | 25,899,636 | 17Gb | 25,890,134 |
| Control_R1.fastq | 22,637,472 | 14Gb | | | | |
| Control_R2.fastq | 22,546,919 | 14Gb | Control | 30,515,125 | 21Gb | 30,403,235 |

2.2.3. Alineamiento y asignación taxonómica

Los archivos con las lecturas que no fueron homologas al genoma de maíz variedad B73 descrito anteriormente se analizaron utilizando la herramienta BLASTn (Basic Local Alignment Search Tool/Nucleotide) comparando con la base de datos que contiene secuencias bacterianas (Bacteria_2015_06_09.fasta) obtenida de NCBI (<ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/humanmicrobiom/Bacteria/>). Los datos obtenidos del alineamiento se clasificaron taxonómicamente mediante el software blast2lca versión 0.8 (Pignatelli M, 2014). La abundancia relativa de los taxones presentes en las muestras se representó mediante heatmaps utilizando las librerías (vegan y gplots) generados mediante el programa R (<http://www.R-project.org>).

2.2.4. Análisis de la diversidad microbiana mediante la secuencia del gen 16S

Usando el programa SingleM versión 0.7.0 (Woodcroft B., 2016) se analizó la abundancia de los taxones bacterianos de las muestras mediante la asignación taxonómica de los genes ribosomales. Se generó una tabla de abundancia de taxones por muestra. La línea de comandos utilizados se encuentra en el anexo A.4.1.

2.2.5. Construcción de tabla de taxones, normalización y filtrado de datos

Con la finalidad de realizar una normalización de los datos se seleccionaron los mejores resultados a partir del archivo de salida generado con blastn (Boratyn, *et al.*, 2013) y se agruparon por tratamiento encontrando un total de 1892 especies los cuales se depositaron en una tabla que fue llamada “datos sin filtrar” (DSF), estos resultados se filtraron manualmente eliminando todas las especies con una frecuencia relativa menor al 0.01% quedando 632 especies. Se realizó una búsqueda del tamaño del genoma de cada una de estas especies. A estos datos se les llamó “datos filtrados normalizados” (DFN). Las fórmulas utilizadas para realizar la normalización de los datos se describen a continuación (1) y (2):

$$(1) S_i = \frac{(r*t)}{G} \quad (2) n_i = S_i / \sum S_t$$

Donde:

S_i = Corresponde a la normalización de una especie.

r = El número de lecturas que encontró BLAST homologas a esa especie.

G = Corresponde al tamaño del genoma la especie en pb.

t = Tamaño medio de la lectura pareada (450 pb).

n_i = Corresponde a la frecuencia relativa de la normalización de una especie sobre la sumatoria de todas las normalizaciones.

S_t = Sumatoria de la normalización de todas las especies.

La normalización de los datos se realizó para obtener cifras ajustadas a las abundancias relativas de los genomas de cada especie, pues dependiendo del tamaño del genoma se pueden obtener una mayor cantidad de lecturas, cuando el genoma es grande, o menor cantidad cuando el genoma es pequeño y por tanto se podrían pasar por alto diferencias significativas en algunos taxones poco abundantes.

2.2.6. Curvas de rarefacción

La rarefacción es un método que sirve para comparar el número de especies, estimar la abundancia en función de la muestra (Kraker y Cobar, 2011). Las curvas de rarefacción sirven para evaluar la riqueza de especies de bacterias en cada una de las muestras de ADN microbiano. La riqueza de microbiota estimada en las muestras es proporcional al número de lecturas obtenidas. Llega un punto en el cual, se estabilizan las diferentes curvas de refracción y por más lecturas que incluyamos en el análisis, no se obtiene más diversidad microbiana (A. F. Siegel, 2006). Cabe mencionar que el número de individuos muestreado en dos sitios nunca va a ser el mismo, por lo tanto, serán índices diferentes y para compararlos es crucial hacer una corrección matemática para que el número de individuos sea igual. Las rarefacciones toman el hábitat con el mayor número de especies y a partir de esta se submuestra sin reemplazo aleatoriamente un número determinado de veces para generar un índice promedio el cual puede usarse para comparar otros hábitats tomando en cuenta el mismo número de especies (Carmona, 2013). La abundancia de especies que se pueden graficar mediante la rarefacción en el ámbito de la metagenómica se divide en diversidad alfa y beta, siendo la diversidad alfa la cual se tomará para el estudio y se refiere a la riqueza de especies dentro de una comunidad determinada, por ejemplo, la diversidad en un bosque o bien las especies asociadas a rizósfera (Villareal, *et al.*, 2006).

Existen diversos índices que nos ayudan a calcular la diversidad alfa que toman en cuenta dos variables importantes la riqueza de especies y la abundancia relativa de dichas especies.

2.2.6.1. Índice de Shannon

$$H' = - \sum P_i * \ln P_i \quad (3)$$

Donde:

H' = Índice de Shannon-Wiener.

P_i = Abundancia relativa.

\ln = Logaritmo natural.

También conocido como Shannon-Weaver (Shannon y Weaver, 1949) y refleja la heterogeneidad en una muestra o comunidad teniendo en cuenta dos factores: el número de especies presentes y su abundancia relativa, es decir; nos indica qué tan uniformes se encuentran representadas las especies (abundancia relativa) teniendo en cuenta todas las especies muestreadas (Villareal, *et al.*, 2006; Pla, 2006; Carmona, 2013). A mayor valor del índice indica mayor biodiversidad en la muestra.

2.2.6.2. Índice de Simpson

$$\lambda = \sum p_i^2 \quad (4)$$

Donde:

λ = a la abundancia proporcional de la especie i , es decir, el número de individuos de una misma especie denotada por i dividido entre el número total de individuos en una muestra. Determina la probabilidad de que dos individuos tomados al azar dentro de una muestra sean de una misma especie.

El índice propuesto por Simpson (1949) nos indica la probabilidad de que dos individuos seleccionados al azar de una muestra pertenezcan a la misma especie. Normalmente

representado con una D , este índice está altamente ligado a la abundancia relativa pues a medida que aumenta D , disminuye la diversidad. Para que Simpson sea un valor intuitivo se expresa como $1-D$ de esta manera el valor aumenta a medida que la comunidad se vuelve más diversa. Sí el valor del índice corresponde a 1 indica que no hay diversidad en la muestra (Villareal, *et al.*, 2006; Bouza y Covarrubias, 2005).

2.2.6.3. Construcción de curvas de rarefacción

Mediante QIIME versión 1.8.0 (Caporaso, *et al.*, 2010), utilizando los comandos mostrados en el anexo A.5, se construyeron dos conjuntos curvos de rarefacción utilizando los índices de diversidad alfa (Simpson y Shannon) usando las librerías de los tratamientos Control, aBss4 y aBss8/18. Las curvas de rarefacción se construyeron usando tanto los datos sin filtrar como los datos filtrados y normalizados

2.2.7. Resumen de los taxones

Así mismo utilizando los comandos mostrados en el anexo A.8.2 se construyeron histogramas con el programa R versión 3.2.3 utilizando las librerías (RColorBrewer y ggplot2) para visualizar la clasificación taxonómica presente en los tres grupos muestrales (Tratamientos) en este agrupamiento se emplearon los datos filtrados y normalizados. Por otra parte, se utilizó el comando mostrado en el anexo A.8.1 en la herramienta MetaPhlan2 versión 1.7.7 (Segata, *et al.*, 2012) para crear cladogramas utilizando los datos DFN.

2.2.8. Ensamblaje de los metagenomas

Para realizar la anotación funcional a nivel de contig (lecturas ensambladas por el solapamiento de pequeños fragmentos de lecturas para formar una región del genoma de un organismo), se utilizaron los programas Ray Meta 2.3.1 (Boisvert, *et al.*, 2012) y MEGAHIT versión 1.1.2 (Li *et al.*, 2015) empleando los comandos descritos en el anexo A.7, con la finalidad de realizar una comparación entre los datos generados por ambos ensambladores y la cantidad que generan, en ambos programas se utilizaron diferentes valores de k-mer (31,41,71 y 141) tomando las métricas de k-mer 31 como las mejores, resumiendo los estadísticos a este k-mer con ambos software en la Tabla 7.

Tabla 7. Resumen ensamblaje de los metagenomas.

| Meta-Ray k-mer 31 | Contigs | Tamaño (pb) | N50 | Longitud máxima |
|--------------------------|----------------|--------------------|------------|------------------------|
| Control | 279,030 | 97,575,713 | 343 pb | 3,114 pb |
| aBss4 | 208,785 | 71,956,221 | 338 pb | 2,699 pb |
| aBss8/18 | 198,617 | 67,539,757 | 331 pb | 4,078 pb |
| MEGAHIT k-mer 31 | | | | |
| Control | 5,456,938 | 2,103,117,430 | 379 pb | 5,527 pb |
| aBss4 | 4,240,917 | 1,609,067,551 | 371 pb | 5,527 pb |
| aBss8/18 | 3,614,856 | 1,323,308,298 | 534 pb | 7,158 pb |

2.2.9. Predicción de marcos abiertos de lectura (ORFs)

Para realizar la anotación de genes primero debemos de obtener o predecir los ORFs presentes en los datos, para este proceso se usaron los metagenomas ensamblados mediante MEGAHIT para luego ser introducidos en el programa ShotMap versión 1.0 (Nayfach *et al.*, 2015) usando la línea de comandos descrita en el ANEXO A.9.1 este software automatiza la anotación funcional de un metagenoma, así como la comparación entre metagenomas. La tarea que realiza este software es encontrar los posibles ORFs en los datos y por cada muestra o contig lo traduce en una secuencia de péptidos y cada secuencia es comparada en una base de datos (EggNOG en nuestro caso) posterior a esta comparación se clasificó cada contig (que ahora es un ORF) en la base de datos de las familias de los péptidos predichos, únicamente las secuencias que tengan el mayor puntaje como mejor puntaje de alineamiento, e-value o cobertura se le fue asignada una familia. Aunado a esto, se realizó un alineamiento utilizando Blast, usando las lecturas filtradas mediante Bowtie contra los ORFs obtenidos de tal forma que, se obtuviera el número de lecturas que se encuentra de cada ORF en las librerías y que tuviera una homología superior al 99.9% con algún ORF.

2.2.10. Clasificación y análisis de abundancia de genes

El software ShotMap generó un archivo que clasificó todos los ORFs con mejor puntaje a una familia de la base de datos COG este archivo se utilizó para obtener la abundancia relativa de cada categoría en que se encuentra clasificada en la base de datos, así como comparar la diferencia entre metagenomas. El archivo con extensión .tab que contiene los ORFs fue utilizado para clasificar los genes en la plataforma KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes Groups) este archivo es el más adecuado para realizar anotación con otros software pues contiene los ORFs que el programa logra identificar además de traducir de DNA a aminoácidos los contigs ensamblados con anterioridad pues es necesario obtener las lecturas a anotar en forma de aminoácidos, al ser lecturas correspondientes a

metagenomas utilizamos la herramienta GhostKOALA (KEGG Orthology And Links Annotation). (Kanehisa y Morishima, 2016).

La herramienta interna de KEGG, KOALA utiliza los KO (KEGG Orthology) que es un número de clasificación en una base de datos de funciones moleculares asociadas con grupos ortólogos para permitir la extensión de la evidencia experimental en un organismo específico a otros, y sirven para realizar la anotación de la secuencia y clasificarla en algún proceso metabólico. Además, GhostKOALA está diseñada para ficheros de gran tamaño (BlastKOALA no acepta archivos que superen las 10,000 secuencias) por lo tanto es utilizado para metagenomas.

Los genes asignados por KEGG se graficaron en un histograma tomando 11 subcategorías de KEGG, que contenían rutas y genes de interés que más adelante se analizarán. Se buscaron las rutas más importantes implicadas en el aporte de nutrientes esenciales a las plantas. A estas rutas se le asignó un índice de qué tan activo se encuentra un KO en determinada parte de la ruta, así mismo se construyeron histogramas para visualizar la diversidad microbiana en cada ruta metabólica para encontrar diferencias entre metagenomas.

2.2.11. Análisis estadístico por el método descrito por Stekel y colaboradores, 2000

Stekel y colaboradores (2000) describen un método para detectar diferencias significativas entre abundancias de genes transcritos en librerías de cDNA. Este método permite realizar una comparación de un gen en cualquier número de librerías en un solo análisis estadístico para identificar diferencias significativas en la abundancia de transcritos de genes en dichas librerías. Este método puede extrapolarse a cualquier tipo de dato bioinformático, número de OTUs, número de taxones, número de genes, etc. Además, este método resuelve el problema derivado de falsos positivos asociados a los repetitivos métodos aplicados a los cientos de genes e identifica genes que pueden llegar a ser de relevancia biológica.

Para poder aplicarlo se requiere de un pre-tratamiento (Normalización) de los datos (Al menos en el caso de taxones), los cuales fueron normalizados de acuerdo al tamaño del genoma que se detalla en el apartado (2.2.6)

El estadístico propuesto por Stekel, D.J. *et al.*, (2000), está denotado por R_j para el gen (o dato) j , y está dado por la siguiente expresión (5):

$$R_j = \sum_{i=1}^m x_{i,j} \log \left(\frac{x_{i,j}}{N_i f_j} \right), \quad (5)$$

donde m es el número de librerías, $x_{i,j}$ es el número de copias de un gen j en la librería i y N_i es el número total de genes secuenciados que se encuentran en la librería i . f_j es la frecuencia del número de copias del gene j en todas las librerías, dado por la fórmula (6):

$$f_j = \frac{\sum_{i=1}^m x_{i,j}}{\sum_{i=1}^m N_i} \quad (6)$$

El resultado al aplicar el método Stekel debe ser graficado como una función de R y puede apreciarse dos regiones diferentes: 1) donde el número de genes decrece exponencialmente y 2) una región bajo la curva exponencial que indica que el número de genes observados es mucho mayor de lo esperado de información aleatoria. Es decir, una región concentra la mayor cantidad de genes los cuales tienen un valor de R bajo (este valor es dependiente de los datos) y que no representan una diferencia significativa e incluso pueden representar un valor falso positivo. Las segundas regiones con valores altos de R representan en un ~98% un valor verdadero y diferencia significativa del gen (Figura 16).

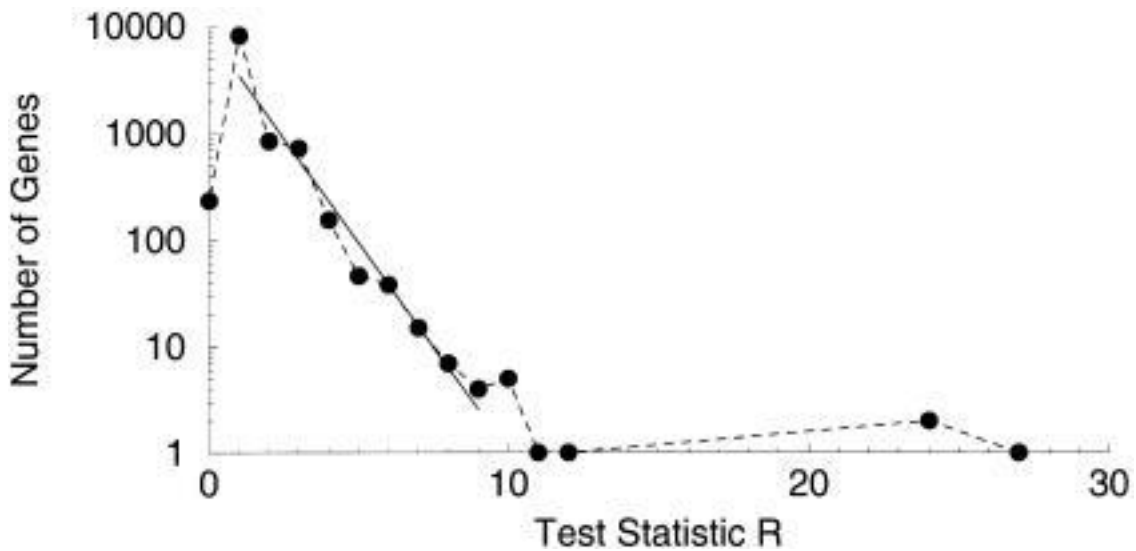


Figura 16. Representación gráfica del método estadístico descrito en Stekel, *et al.*, 2000.

Por lo tanto, podemos confiar en la verdadera representación de la variación de estos genes y no es posible obtener resultado falso positivo.

2.2.12. Comparación en la diversidad microbiana y abundancia de genes entre librerías

Se realizó una comparación entre librerías para conocer cuan parecidas eran frente al control, utilizando la librería (vegan) del programa R y el método Bray construyendo así un cladograma para comparar las tres librerías. Eso fue aplicado a la asignación taxonómica descrita en el punto 2.2.10., así como a la abundancia de genes con la base de datos COG y en KEGG, resultando en tres cladogramas diferentes representando qué tanto son similares las librerías a nivel taxonómico como a nivel de genes.

2.2.13. Abundancia en genes de interés

Se buscaron genes de importancia para la planta como aquellos que codifican enzimas que participan en rutas de producción de fitohormonas, genes implicados en fijación de nitrógeno, fósforo o azufre y genes de resistencia entre otros tomando como referencia las investigaciones de (Tsurumaru, *et al.*, 2015) y (Pacchioni, *et al.*, 2014). Además, se utilizó el método descrito por Stekel y colaboradores, el cual se aplicó tanto a los ORFs como al número de KO (KEEG Orthology) para obtener las categorías y KO que tuvieran diferencias significativas entre metagenomas.

2.2.14. Índice de copias génicas presentes en rutas de interés

Se calculó un índice utilizando los ORFs (Apartado 2.2.9.) utilizando las mismas fórmulas utilizadas en el Apartado 2.2.11. modificando el contenido:

$$S_i = \frac{(r * t)}{G} \quad (2) \quad n_i = S_i / \sum S_t$$

Donde:

S_i = Corresponde a la normalización de un ORF.

r = La cantidad de lecturas que fueron homólogas a ese ORF.

t= Tamaño medio de la lectura pareada = 450 pb.

G= El tamaño del ORF en pb.

n_i = Corresponde a la frecuencia relativa de la normalización de un ORF sobre la sumatoria de todas las normalizaciones.

Posteriormente, se utilizó la frecuencia relativa de esta normalización sobre las rutas metabólicas de nitrógeno, azufre y solubilización de fosfato.

VII. RESULTADOS

La necesidad de incrementar la producción agrícola es inminente, los productos biotecnológicos modernos que se aplican a los cultivos prometen solventar dicha necesidad, no obstante, en muchos casos el impacto sobre la microbiota u organismos que se asocian a los cultivos no es analizado. En este trabajo se evaluó el impacto generado por nuevos compuestos promotores del crecimiento vegetal generados en la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP) sobre la microbiota asociada a suelo rizosférico de plantas de una variedad nativa de maíz. Aprovechando las nuevas tecnologías de secuenciación y procesamiento de datos, se realizó un análisis metagenómico con la finalidad de conocer el efecto en la diversidad y abundancia de microorganismos y generar información del sobre su posible interacción con la planta.

1. Panorama general de los datos de secuenciación masiva

Una vez obtenido el ADN a partir de muestras de suelo asociado a la rizósfera, se prepararon las bibliotecas correspondientes y se realizó secuenciación de estas utilizando el sistema MiSeq de la plataforma Illumina. Como resultado se obtuvieron más de $6,1 \times 10^7$ lecturas para la librería Control con una longitud promedio de 461 pb. Para las librerías con los tratamientos aBss4 y aBss8/18 se obtuvieron $3,2 \times 10^7$ lecturas de calidad con una longitud promedio de lectura entre 408 y 432pb. De estas lecturas una vez que se limpiaron y se filtraron por calidad obtuvimos más de 30 millones para el tratamiento Control y más de 20 millones para los tratamientos aBss4 y aBss8/18.

Se realizó la asignación taxonómica de las lecturas mediante un blastn contra una base de datos de genomas bacterianos y una de genomas víricos obtenida del NCBI. El 92.86%, 92.93% y 91.37%, mostraron homología contra la base bacteriana en la librería Control, aBss4 y aBss8/18 respectivamente. Respecto a la homología con la base de datos vírica el porcentaje fue de 0.31%, 0.33% y 0.49% en las librerías Control, aBss4 y aBss8/18 respectivamente.

Al ensamblar los metagenomas se obtuvo un promedio de 225,805 contigs siendo la biblioteca del tratamiento Control en la que se ensambló el mayor número de contigs y la biblioteca del tratamiento aBss8/18 la que se ensamblaron menos contigs. En estas librerías se encontró un promedio de 299,178 ORFs los cuales fueron asignados en las bases de datos COG (Clusters of Orthologous Groups) y KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) obteniendo un promedio de 187250 genes en COG y 151967 genes en KEGG (Tabla 9).

Tabla 8. Resumen de los datos estadísticos de secuenciación.

| | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|------------------------------------|----------------|--------------|-----------------|
| Lecturas totales generadas | 45,184,391 | 35,856,161 | 38,750,827 |
| Número de lecturas filtradas (QC) | 30,515,125 | 24,111,856 | 25,899,636 |
| Lecturas asignadas a Bacterias | 92.86% | 92.93% | 91.37% |
| Lecturas asignadas a Virus | 0.31% | 0.33% | 0.49% |
| Lecturas asignadas a Archaea | 0.03% | 0.03% | 0.04% |
| Lecturas desconocidas | 6.8% | 6.71% | 8.10% |
| Estadísticas del ensamblaje | | | |
| Contigs ensamblados | 310,746 | 226,417 | 140,253 |
| Mayor tamaño de contig | 5,427 | 5,427 | 5,427 |
| N50 | 571pb | 571pb | 571pb |
| Tamaño total del metagenoma (pb) | 184,812,640 | 134,483,951 | 82,484,503 |
| Asignación de genes | | | |
| ORFs obtenidos (ShotMap) | 413,883 | 299,463 | 184,190 |
| Genes asignados (COG) | 257,749 | 188,829 | 115,173 |
| Genes asignados (KEGG) | 211,510 | 151,654 | 92,739 |

2. Índices de diversidad (Shannon y Simpson)

Se estimaron los índices de diversidad alfa utilizando el software QIIME aplicando los índices Shannon y Simpson, así como los taxones observados. A partir de estos datos se graficaron curvas de rarefacción las cuales se dividieron en dos, los datos sin filtrar (Figura 17) y los datos filtrados y normalizados (Figura 18). En ambos casos todos los metagenomas alcanzaron la fase *plateau*, lo que es indicativo de que la diversidad bacteriana de los microbiomas representa la realidad.

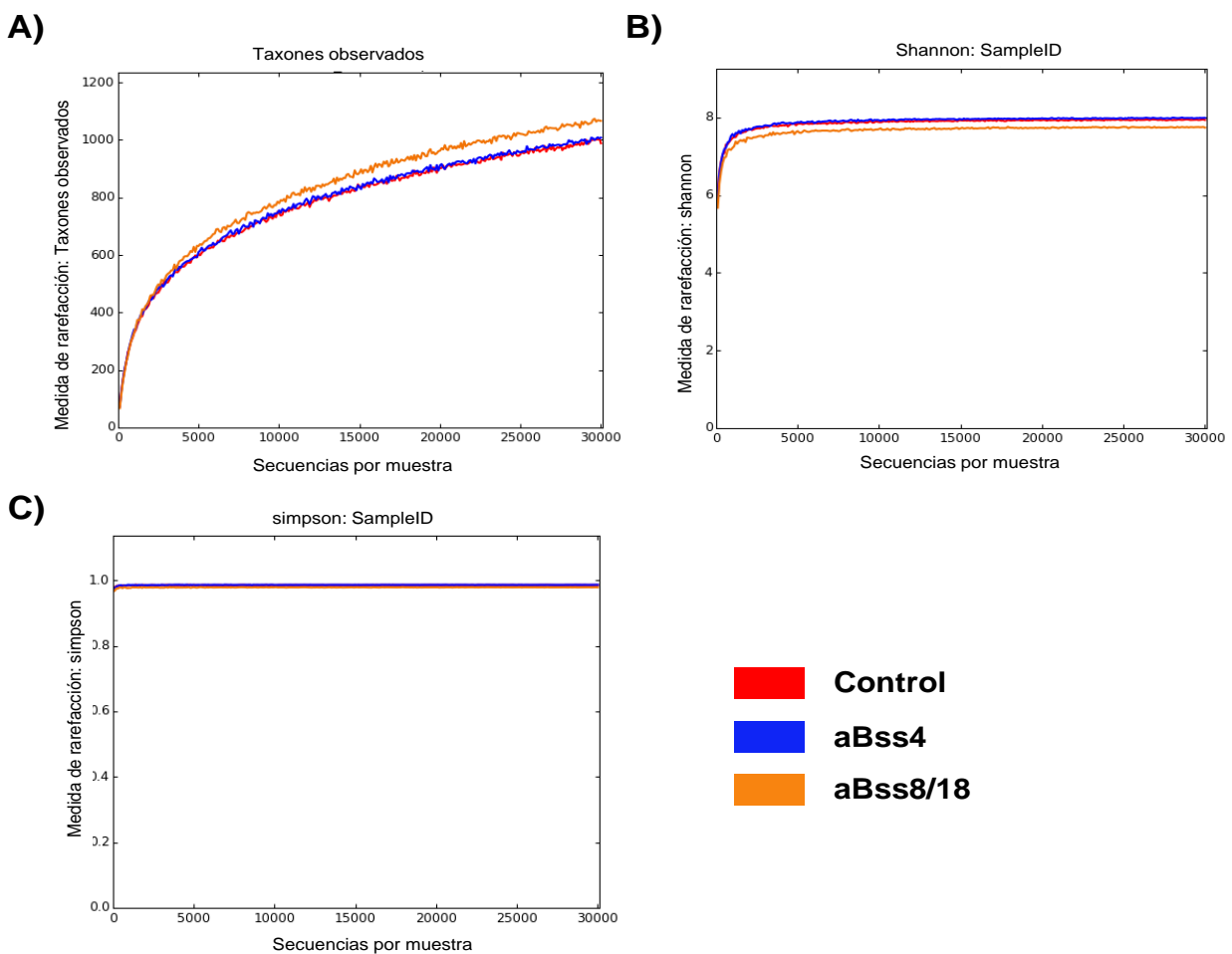


Figura 17. Curvas de rarefacción Datos sin Filtrar (DSF).

Las curvas de rarefacción muestran la diversidad de un taxón identificado en la información de cada librería metagenómica usando los datos de salida del software Blastn y sin realizar ningún filtro. Cada color de curva representa un metagenoma individual rojo (Control), azul (aBss4) y naranja (aBss8/18). (a) Muestra el progreso de las curvas generadas por el número absoluto de taxones (b) índice Shannon y (c) índice Simpson.

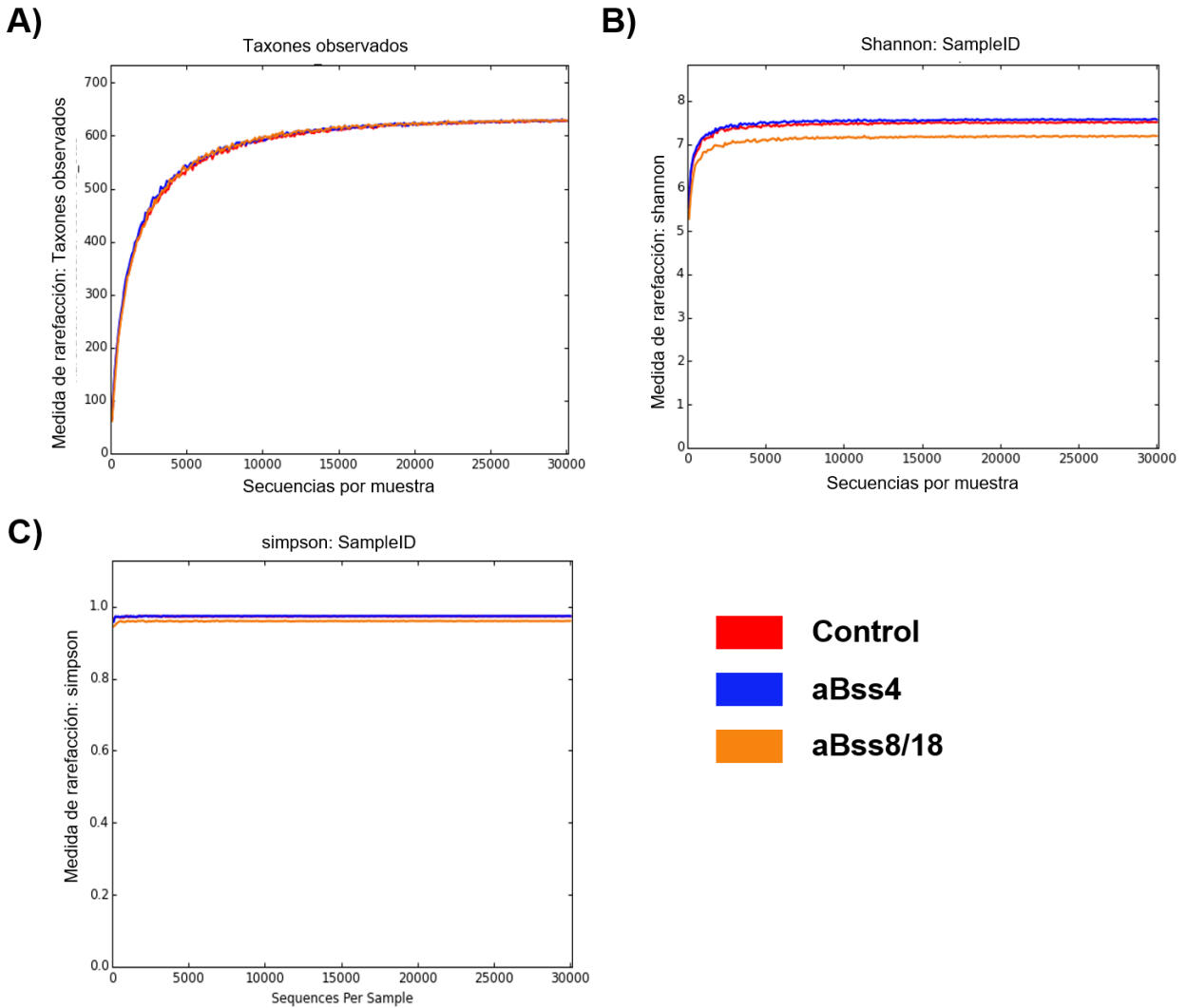


Figura 18. **Curvas de rarefacción Datos Filtrados y Normalizados (DFN).**

Las curvas de rarefacción muestran la diversidad de un taxón identificado en la información de cada librería metagenómica usando los datos de salida del software Blastn a los cuales se realizó un filtro al 0.01% y normalizado. Usando un conjunto de datos de 632 taxones. Cada color de curva representa un metagenoma individual rojo (Control), azul (aBss4) y naranja (aBss8/18). (a) Muestra el progreso de las curvas generadas por el número absoluto de taxones (b) índice Shannon y (c) índice Simpson.

3. Descripción de la población bacteriana

3.1. Taxones presentes y abundancias relativas

Las asignaciones taxonómicas se realizaron usando la base de datos de BLAST para el dominio bacteria y SingleM usando una base de datos de genes ribosomales. Un total de 1,892 taxones bacterianos fueron asignados a las librerías mientras que tras la aplicación de los filtros y normalización se obtuvieron 632 taxones.

La comparación a nivel de filo permitió encontrar de 36 filios en los datos sin filtrar, 18 con datos filtrados y normalizados al 0.01% de abundancia, es decir, todo taxón que represente menos del 0.01% del total de la comunidad es filtrado y finalmente 11 filios después de analizar los datos con SingleM. Más del 95% de la diversidad a nivel de filo, en el caso de los datos sin filtrar (DSF) y los datos filtrados (DF), y el 70% en los de SingleM, está contenida en los filios: Proteobacterias, Actinobacterias, Acidobacterias, Bacteroidetes y Firmicutes. El filo que presenta una mayor abundancia es Proteobacteria teniendo una abundancia relativa de 65.9% en datos sin filtrar, 63.7 % datos filtrados y 40.7% al analizar con SingleM. De acuerdo con varios trabajos, dicho filo se encuentra con una presencia alta mayoritariamente en muestras de suelo (Roesch, *et al.*, 2007; Spain, *et al.*, 2009, Schmeisser, *et al.*, 2003). Cabe mencionar que los datos presentados en este apartado corresponden al promedio de las abundancias relativas de todos los tratamientos y no así las abundancias de cada tratamiento (Tabla 10).

Tabla 9. Comparación de la abundancia relativa a nivel de filo.

| Abundancia relativa a nivel de filo | Datos sin Filtrar | Datos Filtrados | SingleM |
|-------------------------------------|-------------------|-----------------|---------|
| Proteobacteria | 65.90% | 65.20% | 40.70% |
| Actinobacteria | 21.00% | 18.70% | 21.70% |
| Acidobacteria | 1.00% | 0.80% | 7.20% |
| Bacteroidetes | 1.40% | 0.90% | 2.80% |
| Firmicutes | 7.10% | 10.00% | 0.50% |

A nivel de clase, podemos resaltar que las más representativas en datos DSF son: Actinobacteria (18.6%), Clostridia (6.3%), Thermoleophila (1.3%), y del filo proteobacteria encontrando las clases Alphaproteobacteria (34.1%), Betaproteobacteria (15.3%), Deltaproteobacteria (4.5%), y Gammaproteobacteria (11.9%) las más abundantes mientras que con datos (DF) se resaltan Actinobacteria (16.0%), y dentro del filo de Proteobacterias encontramos Alphaproteobacteria (36.3%), Betaproteobacteria (13.8%), Deltaproteobacteria (3.1%), y Gammaproteobacteria (12.0%), Clostridia (9.3%) y por último datos analizados con SingleM se muestra que las clases Actinobacteria (21.1%), Acidobacteria (2.0%), Alphaproteobacteria (26.3%), Betaproteobacteria (4.2%), Deltaproteobacteria (3.6%), Gammaproteobacteria (6.6%) y Verrucomicrobiae (1.3%) son las más abundantes.

El análisis a nivel de orden en DSF se obtuvieron 160 diferentes, en DFN con 98 y con SingleM con 33 donde Caulobacterales, Rizhobiales, Burkholderiales, Pseudomonadales y Xanthomonadales son los que mayor abundancia tiene DSF, de igual forma con DF incluyendo a Enterobacteriales, Myxococcales, Sphingomodanales y Clostridiales mientras que SingleM destaca Sphingomonadales, Actinomycetales y Rhizobiales.

En DSF los órdenes Burkholderiales y Rizhobiales son los que se encuentran en mayor abundancia, mientras que en DF son Caulacterales y Xanthomonadales. Por otra parte, Sphingomonadales se encontró en una alta abundancia cuando se analizó con SingleM (Tabla 11).

Tabla 10. Comparación de la abundancia relativa a nivel de Orden.

| Abundancia relativa a nivel de orden | DSF | DFN | SingleM |
|--------------------------------------|--------|--------|---------|
| Caulobacteriales | 11.20% | 15.80% | 0.50% |
| Rizhobiales | 12.50% | 10.10% | 3.30% |
| Burkholderiales | 12.80% | 10.80% | 2.80% |
| Pseudomonadales | 3.80% | 3.30% | 0.60% |
| Xanthomonadales | 3.50% | 10.10% | 2.40% |
| Sphingomonadales | 6.80% | 7.00% | 18.80% |
| Actinomycetales | 0.30% | 0.50% | 8.40% |

En el nivel de familia 298 fueron asignadas para DSF, 165 para DFN y solamente 51 familias en SingleM. Para DSF la única familia que supera el 10% de toda la comunidad es Caulobacteraceae con 11.2% seguida de Sphingomonadaceae con 6.5 % mientras que más de la mitad de las familias tienen una abundancia <1%. En cambio, DFN muestran las familias Enterobacteriaceae (3.1%), Pseudomonadaceae (2.3%), Xanthomonadaceae (3.9), Sphingomonadaceae (6.5%), Caulobacteraceae (15.8%) son los más representativos. Finalizando con SingleM con una mayor abundancia en la familia Shingomonadaceae (18.2%).

Al nivel de género 795 fueron asignados en DSF siendo el género *Brevundimonas* (9.8%), *Burkholderia* (2.8%), *Bradyrhizobium* (3.0%) y *Anarostipes* (5.6%) los más abundantes; 352 géneros se obtuvieron en DFN y 90 para SingleM. Los géneros más abundantes en los datos se muestran en la Tabla 12 así como una comparación entre datos.

Tabla 11. Comparación de los diferentes datos a nivel de género.

| | DSF | DFN | SingleM |
|--------------------------|------------|------------|----------------|
| <i>Mycobacterium</i> | 1.50% | 1.20% | 0.30% |
| <i>Streptomyces</i> | 3.20% | 1.70% | 0.40% |
| <i>Anaerostipes</i> | 5.60% | 8.60% | N/A |
| <i>Brevundimonas</i> | 9.80% | 14.40% | N/A |
| <i>Bradyrhizobium</i> | 3.00% | 1.80% | 0.30% |
| <i>Methylobacterium</i> | 2.10% | 1.40% | N/A |
| <i>Sphingobium</i> | 1.90% | 2.00% | N/A |
| <i>Sphingomonas</i> | 2.90% | 2.60% | 15.80% |
| <i>Sphingopyxis</i> | 0.70% | 1.00% | 0.30% |
| <i>Burkholderia</i> | 2.80% | 1.80% | N/A |
| <i>Ramlibacter</i> | 1.10% | 1.30% | N/A |
| <i>Escherichia</i> | 2.10% | 2.20% | N/A |
| <i>Acinetobacter</i> | 0.80% | 1.00% | 0.10% |
| <i>Pseudomonas</i> | 2.80% | 2.20% | 0.40% |
| <i>Pseudoxanthomonas</i> | 1.00% | 1.30% | N/A |

N/A; No asignado, es decir no fue posible encontrar este taxón mediante el software.

3.2. Distribución de la comunidad bacteriana por tratamiento

Los mapas de abundancia relativas generados muestran a nivel de familia (Figura 19) y género (Figura 20) los taxones más abundantes en las librerías Control, aBss4 y aBss8/18. Se representaron 82 de 165 familias mientras que a nivel de género se representaron 82 de 352 usando los datos filtrados y normalizados. Las familias Caulobacteraceae, Lachnospiraceae y Sphingomonadaceae son las más abundantes representando más del 15 % de la diversidad total. También se encuentran en gran abundancia familias que ya se ha reportado una alta abundancia en suelo tales como Bradyrhizobiaceae, Burkholderiaceae, Pseudomonadaceae, Rhizobiaceae. A nivel de género (Figura 20) podemos observar que *Anaerostipes* y *Brevudimonas* son los taxones más abundantes en las muestras, seguidos de *Anaeromyxobater*, *Bradyrhizobium*, *Burkholderia*, *Escherichia*, *Metilobacterium*, *Mycobacterium*, *Pseudomonas*, *Pseudoxanthomonas*, *Rhizobium*, *Ramlibacter*, *Sphingomonas* y *Streptomyces*. Cabe mencionar que las altas abundancias en los géneros *Bradyrhizobium*, *Burkholderia*, *Pseudomonas*, *Rhizobium* y *Sphingomonas* corresponden a los antecedentes de (Boratyn, *et al.*, 2013), que mencionan a estos géneros con una alta abundancia en suelo, y les atribuye una función promotora de crecimiento vegetal (Se denominará *Plant Growth Promoting Bacteria* o PGPB por sus siglas en inglés). Además, podemos destacar varios taxones que se encuentran en el grupo Actinomycetes que son organismos con características entre bacteria y hongos por rasgos como la formación de un filamento denominado hifas con extensas ramificaciones (micelio), muchos de los actinomicetos forman micelio aéreo y esporas a excepción de algunos géneros como *Mycobacterium* y *Corynebacterium* (Quiñones, *et al.*, 2016). En suelo, el género más común de actinomycetes es *Streptomyces* seguido de *Nocardia* y *Micromonospora* lo cual se ve fuertemente reflejado en el mapa de abundancia a nivel de género (Figura 20) donde, *Streptomyces* tiene una abundancia relativa entre 1 y 5% de igual forma *Nocardia* y *Micromonospora* cuentan con una abundancia alta en comparación con otros géneros representados; sin embargo, su abundancia es menor en el tratamiento aBss8/18 en comparación con los demás tratamientos. En los dendogramas localizados en los heatmaps a nivel de familia y género (Figuras 19 y 20) se puede apreciar que a nivel

taxonómico es más parecida la diversidad presente en el Control y el tratamiento aBss4 mientras que la diversidad con el tratamiento aBss8/18 es la que menos se parece a éstas.

Los mapas de abundancia antes representados (Figura 19 y 20), solamente mostraban los 82 taxones con mayor abundancia relativa tanto a nivel de familia como en género. Por esta razón se construyeron histogramas para poder representar todos los taxones tanto a nivel de familia como a nivel de género.

Los 632 taxones obtenidos de los datos filtrados (DFN) fueron utilizados para crear un histograma colapsado. A todos los géneros de una misma familia se les asignó una tonalidad distinta de un mismo color. Las familias más abundantes detectadas en las tres muestras son Caulobacteraceae, Lachnospiraceae y Sphingomonadaceae (Figura 21) mientras que hay diferencias en las familias Bradyrhizobiaceae, Comamonadaceae y Nitrosomonadaceae. En cuanto a especie, *Sphingomonas wittichii*, *Anaerostipes hadrus* y *Brevundimonas diminuta* son algunos de los géneros destacables (Figura 22).

Al realizar un cladograma taxonómico jerárquico mostrando todos los taxones detectados (en una abundancia relativa mayor al 0.1%) usando el software metaplan2 para los tres conjuntos de datos filtrados y normalizados para Control (Figura 23), aBss4 (Figura 24) y aBss8/18 (Figura 25). Se puede observar una alta abundancia a nivel de orden en Clostridiales, Rhizobiales, Sphingomonadales, Caulobacterales, Burkholderiales en todas las muestras. En los tratamientos aBss4 y aBss8/18 se observa una alta abundancia en los órdenes Enterobacteriales y Desulfuromonadales en comparación con el Control. Por otro lado, de manera particular el orden Micrococcales es ligeramente mayor en aBss4 en comparación de aBss8/18 y el Control.

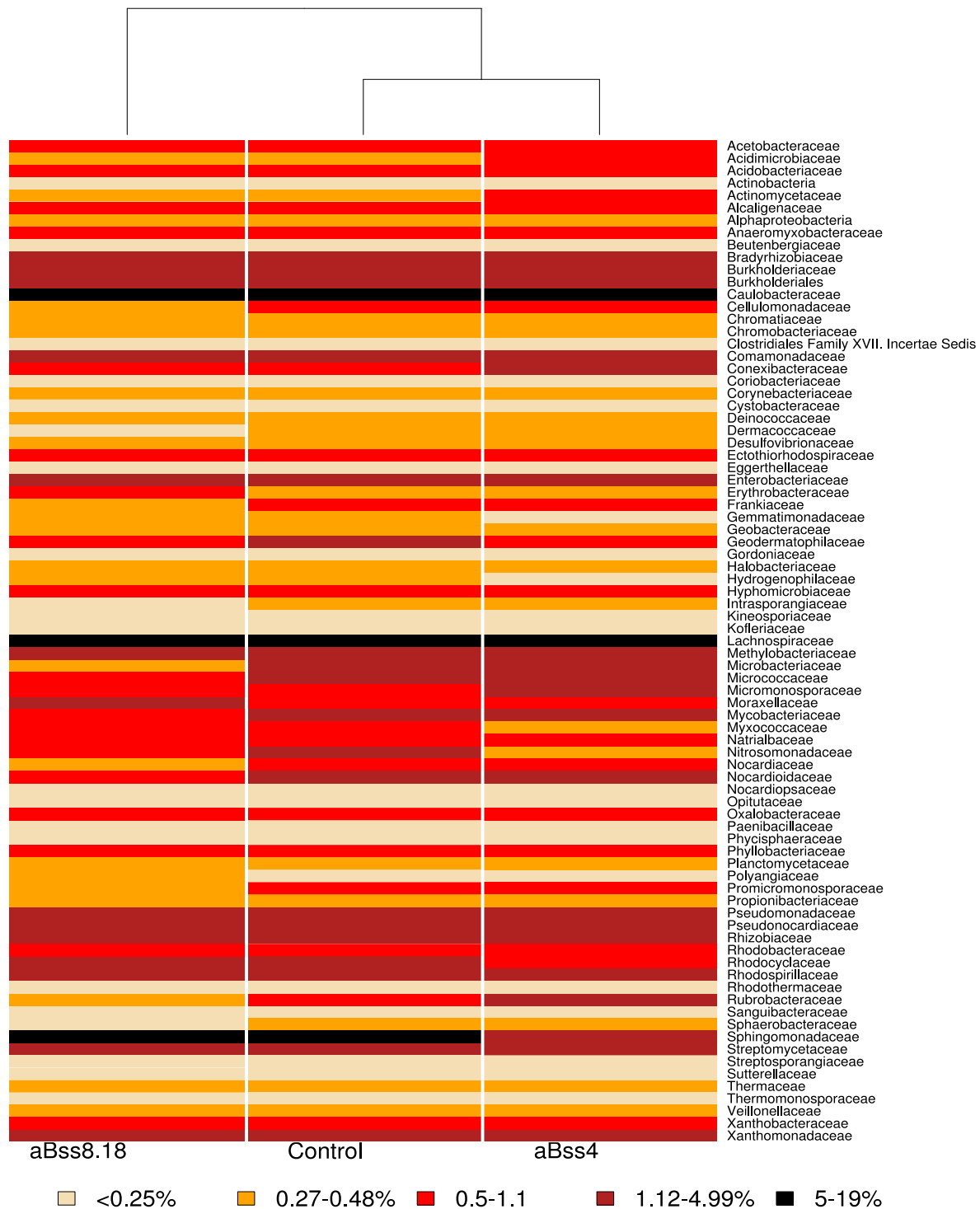


Figura 19. Mapa de abundancias relativas de los taxones a nivel de familia en las muestras.

Los cuadros negros corresponden a las frecuencias relativas más altas entre 5-19% del total de las muestras, café abundancias que van desde 1.12% al 4.99%, rojo entre 0.5 y 1.1% siendo de color claro las abundancias relativas menores al 0.25%. Las familias *Caulobacteraceae*, *Lachnospiraceae* y *Sphingomonadaceae* (a diferencia de la librería aBss4) son las más abundantes en las muestras.

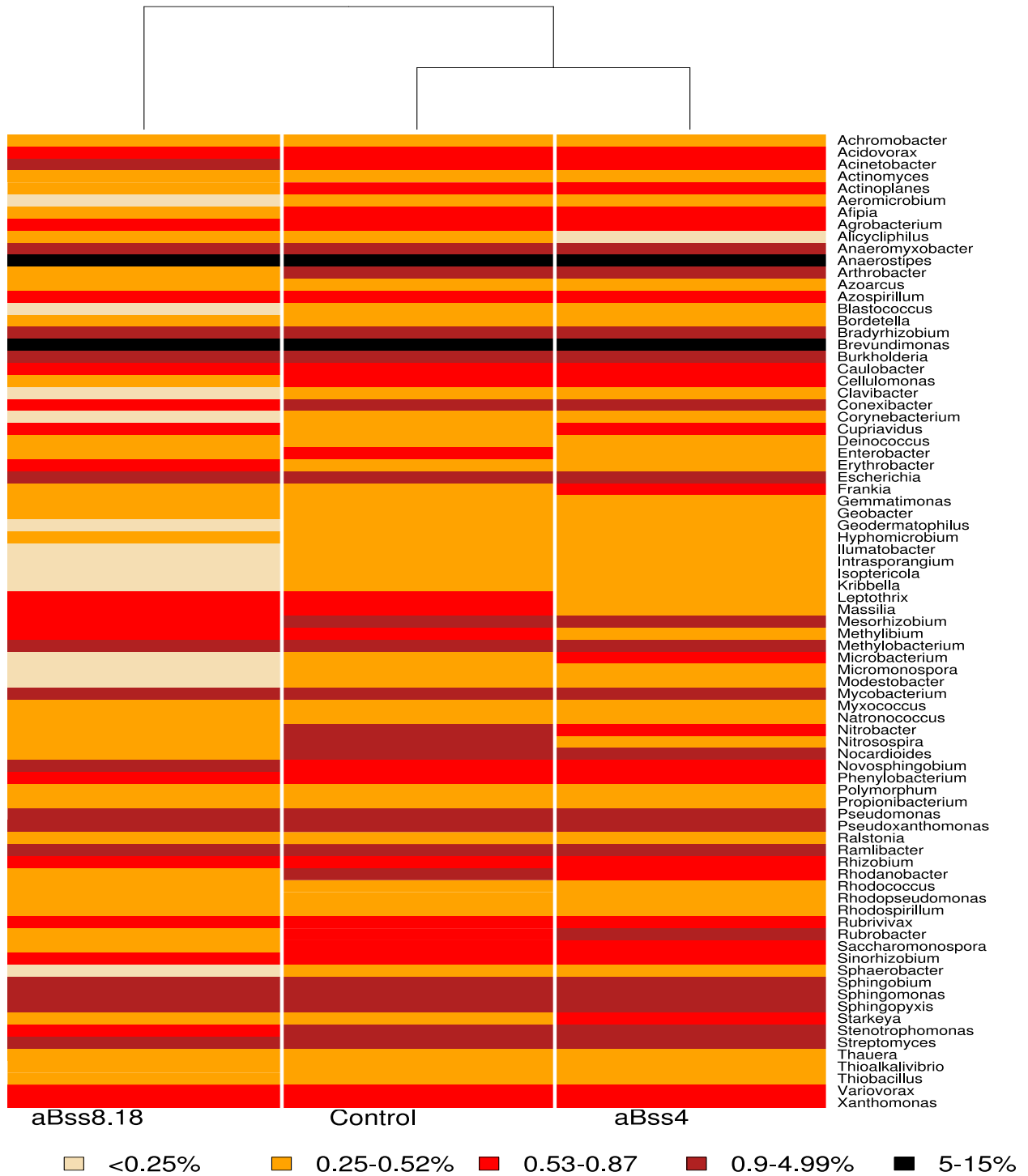
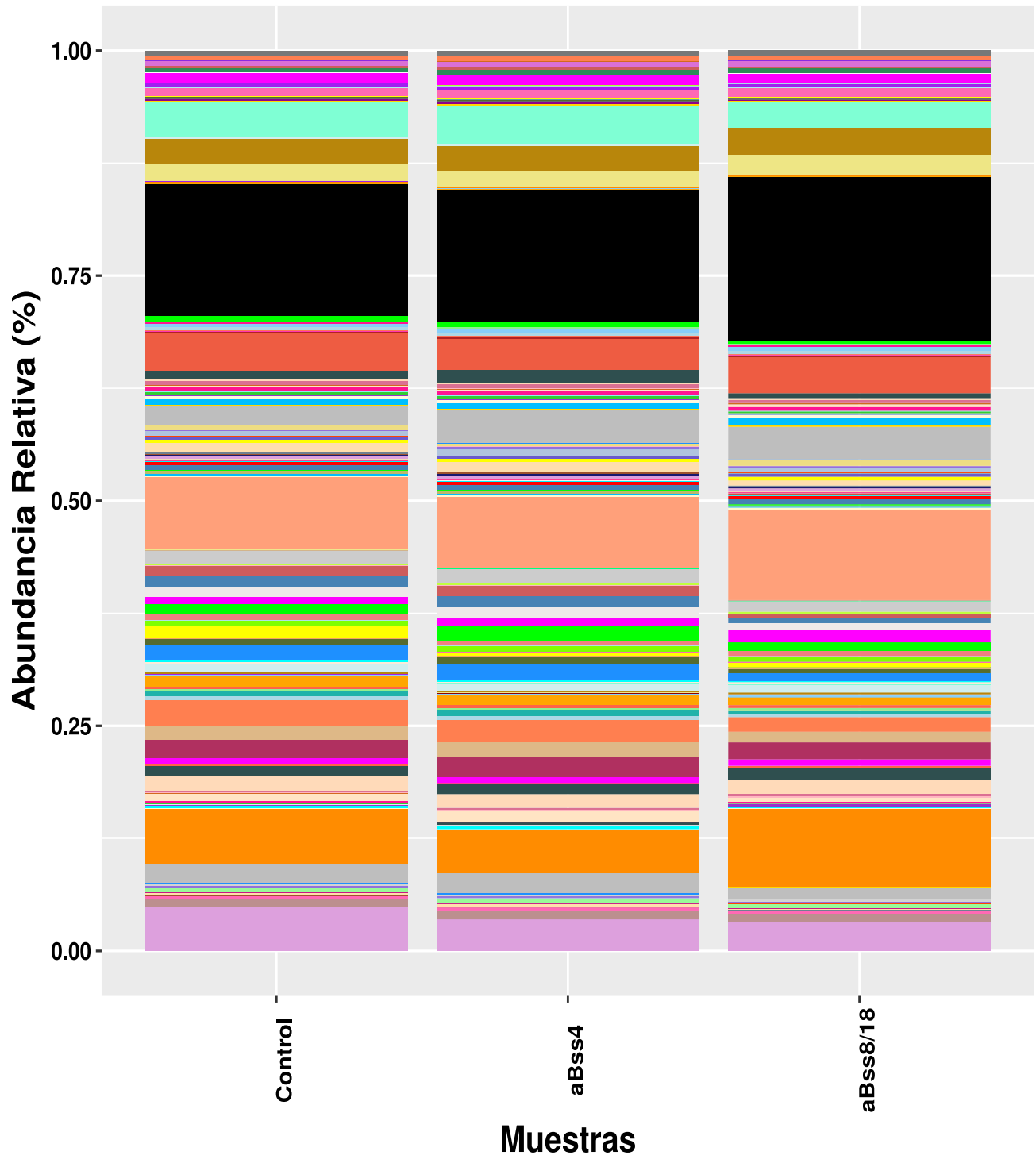


Figura 20. Mapa de abundancias relativas de los taxones a nivel género en las muestras.

Los géneros más abundantes a nivel de género son *Anaerostipes* y *Brevudimonas* teniendo una abundancia relativa entre 5-5% del total de las muestras, y destacando *Rubrobacter*, *Microbacterium*, *Nitrobacter* con diferencias entre las abundancias relativas de cada tratamiento.

Abundancia Relativa y Normalizada



FAMILIA

| | | |
|---|---------------------|-----------------------|
| Acetobacteraceae | Erysipelotrichaceae | Phycisphaeraceae |
| Acidimicrobiaceae | Erythrobacteraceae | Phyllobacteriaceae |
| Acidithiobacillaceae | Ferrimonadaceae | Planctomycetaceae |
| Acidobacteria | Flavobacteriaceae | Pleurocapsales |
| Acidobacteriaceae | Frankiaceae | Polyangiaceae |
| Acidotherrmaceae | Gallionellaceae | Porphyromonadaceae |
| Actinobacteria | Gammaproteobacteria | Prevotellaceae |
| Actinomycetaceae | Gemmatimonadaceae | Promicromonosporaceae |
| Aeromonadaceae | Geobacteraceae | Propionibacteriaceae |
| Alcaligenaceae | Geodermatophilaceae | Pseudomonadaceae |
| Alcanivoracaceae | Gloeobacterales | Pseudonocardiaceae |
| Alicyclobacillaceae | Glycomycetaceae | Rhizobiaceae |
| Alphaproteobacteria | Gordoniaceae | Rhodobacteriaceae |
| Alteromonadaceae | Hahellaceae | Rhodobiaceae |
| Anaerolineaceae | Halobacteriaceae | Rhodocyclaceae |
| Anaeromyxobacteraceae | Haloferacaceae | Rhodospirillaceae |
| Atopobiaceae | Halomonadaceae | Rhodothermaceae |
| Bacillaceae | Halothiobacillaceae | Rikenellaceae |
| Bacillales | Helicobacteraceae | Roseiflexaceae |
| Beijerinckiaceae | Hellobacteriaceae | Rubrobacteraceae |
| Betaproteobacteria | Hydrogenophilaceae | Ruminococcaceae |
| Beutenbergiaceae | Hyphomicrobiaceae | Sanguibacteraceae |
| Bifidobacteriaceae | Hyphomonadaceae | Saprosiraceae |
| Bradyrhizobiaceae | Intrasporangiaceae | Segnilibaraceae |
| Brucellaceae | Kineosporiaceae | Shewanellaceae |
| Burkholderiaceae | Koffleriaceae | Solibacteraceae |
| Burkholderiales | Lachnospiraceae | Sphaerobacteraceae |
| Caldilineaceae | Legionellaceae | Sphingobacteriaceae |
| Candidatus Methylomirabilis | Leptosiraceae | Sphingomonadaceae |
| Cardiobacteriaceae | Leptotrichiaceae | Spirochaetaceae |
| Catenulisporaceae | Methanocellaceae | Streptomycetaceae |
| Caulobacteraceae | Methanomicrobiaceae | Streptosporangiaceae |
| Cellulomonadaceae | Methanosaetaceae | Sulfuricellaceae |
| Chitinophagaceae | Methylobacteriaceae | Sutterellaceae |
| Chlorobiaceae | Methylococcaceae | Symbiobacteriaceae |
| Chloroflexaceae | Methylocystaceae | Synergistaceae |
| Chromatiaceae | Methylophilaceae | Syntrophobacteraceae |
| Chromobacteriaceae | Microbacteriaceae | Thermaceae |
| Chroococcales | Micrococcaceae | Thermobaculum |
| Clostridiales | Micromonosporaceae | Thermomicrobiaceae |
| Clostridiales Family XVII. Incertae Sedis | Moraxellaceae | Thermomonosporaceae |
| Comamonadaceae | Mycobacteriaceae | Trueperaceae |
| Conexibacteraceae | Myxococcaceae | Tsukamurellaceae |
| Coriobacteriaceae | Nakamurellaceae | Veillonellaceae |
| Corynebacteriaceae | Natrialbaceae | Xanthobacteraceae |
| Cyclobacteriaceae | Nautillaceae | Xanthomonadaceae |
| Cystobacteraceae | Neisseriaceae | |
| Cytophagaceae | Nitrosomonadaceae | |
| Deinococcaceae | Nitrososphaeraceae | |
| Dermabacteraceae | Nitrospiraceae | |
| Dermacoccaceae | Nocardjaceae | |
| Desulfarcuaceae | Nocardiodaceae | |
| Desulfobacteraceae | Nocardioleaceae | |
| Desulfobulbaceae | Opitutaceae | |
| Desulfomicrobiaceae | Oscillatoriales | |
| Desulfovibrionaceae | Oxalobacteraceae | |
| Ectothiorhodospiraceae | Paenibacillaceae | |
| Eggerthellaceae | Parvularculaceae | |
| Enterobacteriaceae | Pelobacteraceae | |
| | Peptococcaceae | |

Figura 21. Comparación de abundancia relativa y normalizada a nivel de familia.

Las familias más abundantes son Caulobacteraceae (color negro), Sphingomonadaceae (naranja) y Lachnospiraceae (rosa) encontrando diferencias notables en la familia Conexibacteraceae (verde oscuro), Microbacteriaceae y micrococcaceae.

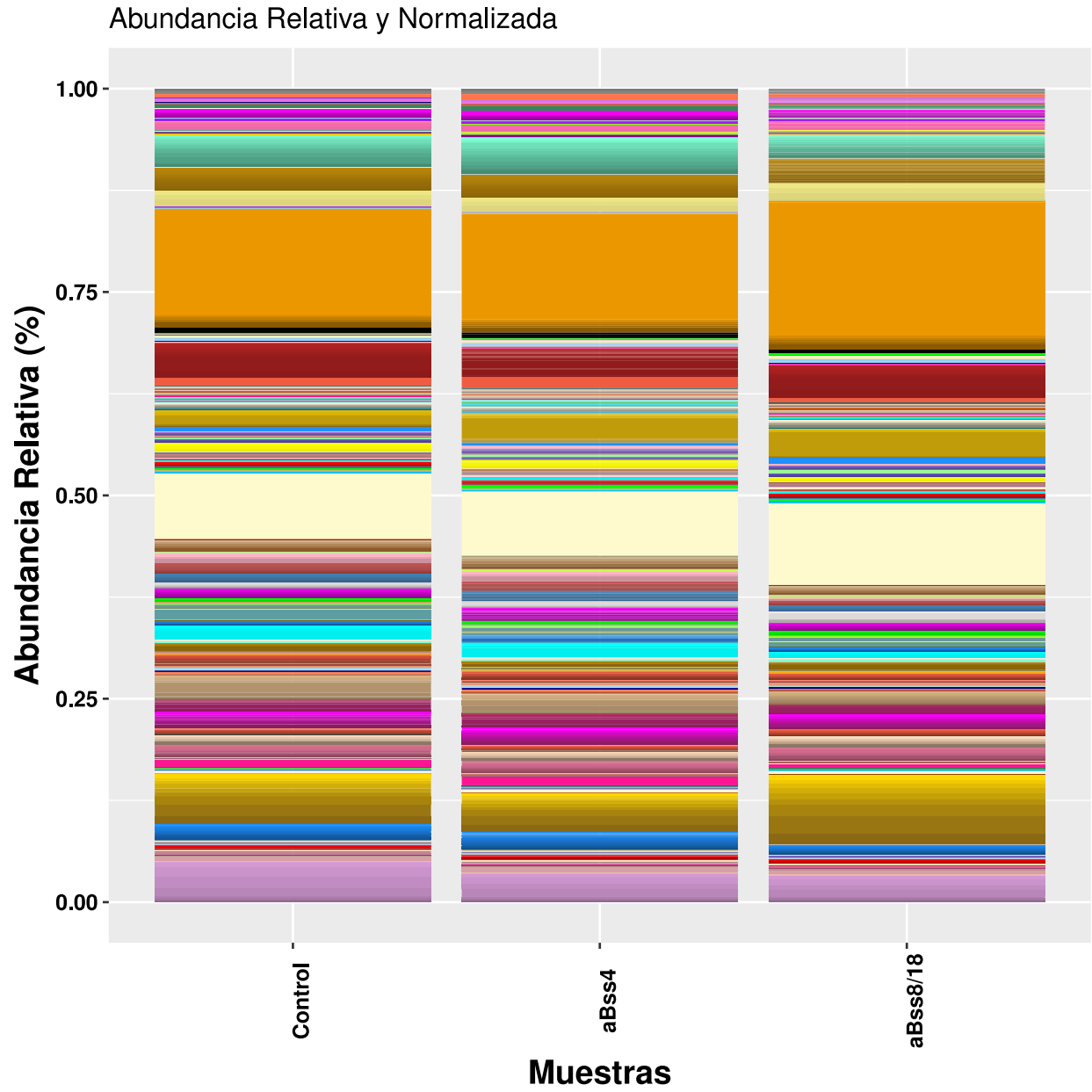


Figura 22. Comparación de abundancia relativa y normalizada a nivel de especie entre muestras.

Género-especie

| | | | | | | | | | | |
|--|---|--|-------------------------------------|---|---------------------------------------|--|---|-------------------------------------|--------------------------------------|-----------------------------------|
| 001Acidiphilium cryptum | 061Geobacillus sp. JF8 | 121Caldinea aereophila | 181Corynebacterium pseudogenitalium | 241Enterobacter homaechei | 301Natronomonas moolagensis | 361Verrucospora maris | 421Aeromicrobium marinum | 481Pseudomonas resinovorans | 541Rifselexus sp. RS 1 | 601Methanothermobacter |
| 002Acidiphilium multivorum | 062Geobacillus sp. Y412MC61 | 122Cardiobacterium hominis | 182Corynebacterium leperotoidum | 242Enterobacter sp. G38 | 302Heliobacter volcanii | 362Acinetobacter baumannii | 422Rhizobella fauvidi | 482Pseudomonas sp. 2_1_26 | 542Rubrobacter xylanophilus | 602Methanothermobacter |
| 003Gluconobacter diazotrophicus | 063Geobacterium sibiricum | 123Cardiobacterium vaivarium | 183Corynebacterium urealyticum | 243Enterobacter sp. RA 368 | 303Halobacterium lacusprofundi | 363Acinetobacter calcoaceticus | 423Nocardopsis sp. JS614 | 483Pseudomonas sp. TKP | 543Anaerotruncus coliformis | 603Ceanothobacter profundus |
| 004Gluconobacter oxydans | 064Geinjeinikia indica | 124Catenulobacter variabile | 184Corynebacterium variabile | 244Enterobacteriaceae bacterium strain FGI 57 | 304Chromohalobacter saitoensis | 364Acinetobacter johnsonii | 424Nocardopsis alba | 484Pseudomonas sp. VLB120 | 544Ethaerobacterium halobense | 604Thermus ostinali |
| 005Gluconobacter thebesiensis | 065Methylohalobium silvestris | 125Akkococcus eccentricus | 185Turococcus otitidis | 245Pantoea stali symbiont | 305Halomonas elongata | 365Acinetobacter oleivorans | 425Nocardopsis dassonvillei | 485Pseudomonas stutzeri | 545Fusillibacterium prasinizii | 605Thermus scoticoides |
| 006Komagataeabacter medellinensis | 066Candidatus Accumulibacter phosphatis | 126Brundimonas diminuta | 186Chiniococcus vietnamensis | 246Envinia bilinguae | 306Halothiobacillus neapolitanus | 366Acinetobacter pittii | 426Thermobifida fusca | 486Pseudomonas syringae | 546Fusillibacterium prasinizii | 606Thermus sp. CCB_USJ_UF1 |
| 007Roseomonas cervicalis | 067Brundenbergia cavernae | 127Brundimonas subviridoides | 187Sigmatalia aurantiaca | 247Escherichia coli | 307Heliobacter pylori | 367Acinetobacter sp. | 427Crotosium terrae | 487Acetivibrio mium | 547Crotosidium jipum | 607Thermus thermophilus |
| 008Acidimicrobium ferrooxidans | 068Rhodobacterium adollescens | 128Caulobacter segnis | 188Cotylopha hutchinsonii | 248Escherichia sp. 3_2_53FAA | 308Heliobacterium modesticalmum | 368Acinetobacter sp. ADP1 | 428Gallenema sp. PCC 7407 | 488Mycobacterium mediterranei | 548Sulfolobus grani | 608Thermomicrobium roseum |
| 009Methanobacter coccineus | 069Rhodobacterium coccineus | 129Caulobacter sp. K31 | 189Dorobacter fermentans | 249Klebsiella oxytoca | 309Thiobacillus denitrificans | 369Mycobacterium subflavus | 429Crotosium nigro viridis | 489Mycobacterium orientalis | 549Sulfolobus grani | 609Thermomicrobium curvata |
| 010Acidithiobacillus calidus | 070Rhodobacterium bifidum | 130Caulobacter vibrioides | 190Fibrella aestuarina | 250Klebsiella pneumoniae | 310Hydrophobicum denitrificans | 370Mycobacterium abscessus | 430Collimonas fungivorans | 490Pseudonocardia doxanivorans | 550Sargolobacter keddiei | 610Trepaea radovicivii |
| 011Acidithiobacillus ferrooxidans | 071Rhodobacterium longum | 131Phenylobacterium zucineum | 191Runella stillyformis | 251Klebsiella variicola | 311Hydrophobicum nitrativorans | 371Mycobacterium avium | 431Herbaspirillum serripedicae | 491Saccharomonospora viridis | 551Halsicomonas hydrophossae | 611Tsuksamuraella paurometabola |
| 012Chlorocyclobacterium thermophilum | 072Altipia bromaeae | 132Callibriolaj gilvus | 192Spirosoma linguale | 252Pantoea sp. AI 36 | 312Hydrophobicum sp. MC1 | 372Mycobacterium chubuense | 432Thermomonas arsenicovorans | 492Saccharopolyspora erythraea | 552Seygnilliparus rotundus | 612Thermomicrobium roseum |
| 013Acidibacterium capsulatum | 073Altipia clevelandensis | 133Caldimonas fimi | 193Deinococcus deserti | 253Pantoea vagans | 313Pelagibacterium halotolerans | 373Mycobacterium gilvum | 433Lanthribacterium sp. Marseille | 493Saccharothrix egyptensis | 553Seygnilliparus rugosus | 613Methylobacterium muticoides |
| 014Candidatus Koribacter versatilis | 074Altipia felsi | 134Caldimonas flavigena | 194Deinococcus gestemalis | 254Basutella ornitholytica | 314Rhodococcus variifili | 374Mycobacterium indicus pranii | 434Massilia timonea | 494Grobracterium labrum | 554Shewanella loebachii | 614Selenomonas infelix |
| 015Gardulicella maltensis | 075Rhodospirillum diazoefficiens | 135Chlorothroga pinensis | 195Deinococcus gobiensis | 255Serratia liquefaciens | 315Hyphomicrobium neptunium | 375Mycobacterium goodii | 435Paenibacillus mucroginosus | 495Grobracterium sp. H13 3 | 555Candidatus Solibacter usitatus | 615Selenomonas noxia |
| 016Gardulicella lindholmi | 076Rhodospirillum oligotrophicum | 136Nastella korensis | 196Deinococcus maritimus | 256Serratia marcescens | 316Maricaulis maris | 376Mycobacterium kansasii | 436Paenibacillus sp. HG7 | 496Grobracterium tumefaciens | 556Paenibacterium thermophilum | 616Selenomonas sp. F0473 |
| 017Methylobacterium resuse | 077Rhodospirillum sp. BTA11 | 137Rhodospirillum parvum | 197Deinococcus perandilitoris | 257Serratia odobrensis | 317Nitrinospirillum calvum | 377Mycobacterium sp. JDR 2 | 437Paenibacillus sp. JDR 2 | 497Grobracterium vitis | 557Paenibacterium thapsus | 617Selenomonas sp. oral taxon 137 |
| 018Tetraglobus saarensis | 078Rhodospirillum sp. ORS 278 | 138Chlorobaculum tepidum | 198Deinococcus proteolyticus | 258Serratia plymuthica | 318Kineococcus radiotolerans | 378Mycobacterium neoaurum | 438Paenibacillus sp. oral taxon 786 | 498Rhizobium etli | 558Pseudopedobacter salitans | 618Selenomonas sp. oral taxon 149 |
| 019Acidithiobacillus cellulosidius | 079Rhodospirillum sp. S23221 | 139Rhodocyclon luteolum | 199Deinococcus radiodurans | 259Serratia proteomaculans | 319Halargium ochraceum | 379Mycobacterium parascrofulaceum | 439Paenibacillus sp. Y42CM10 | 499Rhizobium leguminosarum | 559Sollitea caranensis | 619Selenomonas spuligena |
| 020Rhodospirillum bispora | 080Rhodospirillum hamburgensis | 140Chloroflexus aggregans | 200Bacteroides thurstonensis | 260Cocciobacterium lactucae | 320Anaerostipes hadrum | 380Mycobacterium rhodesiae | 500Rhizobium sp. | 560Rhizobium sp. | 620Xanthobacterium cauliodans | 621Starkeya novella |
| 021Actinomyces odonitiformis | 081Rhodospirillum vinogradskii | 141Chloroflexus sp. Y 400 II | 201Dermacoccus sp. Elin1 65 | 261Yeniella regensburgeri | 321[Clostridium] apparatusforme | 381Mycobacterium smegmatis | 441Parvularcula bermudensis | 501Rhizobium tropici | 561Rhizobium sp. | 622Starkeya novella |
| 022Actinomyces sp. | 082Cotigotropha carboxidovorans | 142Allochroaculum vinosum | 202Hydrococcus seelerianus | 262Catenibacterium mitsukoi | 322Ligoniella longbeachae | 382Mycobacterium sp. JDM01 | 442Pectobacter carbinolicus | 502Srhizobium fredii | 562Vossheringibacter aromaticivorans | 623Fateixa aurantia |
| 023Actinomyces sp. oral taxon 170 | 083Rhodospirillum patens | 143Thiocystis villosus | 203Desulfoturcillus baarsii | 263Erythrobracter litoralis | 323Turneriella parva | 383Mycobacterium sp. JLS | 443Pectobacter propionicus | 503Srhizobium medicae | 563Vossheringibacter sp. PP1 Y | 624Fateixa aurantia |
| 024Actinomyces sp. oral taxon 171 | 084Baculota sus | 144Thiobacillus mobilis | 204Desulfatolobum alienivorans | 264Fermomonas balteica | 324Lepidochloa holstadii | 384Mycobacterium sp. MCS | 444Candidatus Desulfoturcillus australianus | 504Srhizobium meliloti | 564Srhizobium chlorophenolicum | 625Pseudoxanthomonas spadix |
| 025Actinomyces sp. oral taxon 175 | 085Chromobacterium anthraci | 145Chromobacterium violaceum | 205Desulfococcus oleovorans | 265Schyrobacterium gleum | 325Methanocaldococcus anoyrae | 385Mycobacterium sp. MOTT 736 Y | 445Physcystisphaera mikurensis | 505Dinoroseobacter shibatae | 565Rhizobium japonicum | 626Pseudoxanthomonas suwonensis |
| 026Actinomyces sp. oral taxon 178 | 086Rhodospirillum ambifaria | 146Laribacter hongkongensis | 206Desulfotulobus propionicus | 266Parvibacterium johnsoniae | 326Methanocaldococcus pallidulus | 386Mycobacterium tuberculosis | 446Chelatolobus sp. BNC1 | 506Laribacter sp. CCS1 | 566Rhizobium sp. SYK 6 | 627Rhodospirillum denitrificans |
| 027Actinomyces sp. oral taxon 180 | 087Rhodospirillum cenocepacia | 147Desulfotulobium NRB8 | 207Desulfotulobium alkaphilum | 267Rhodospirillum bifurcata | 327Methanocaldococcus bourgenis | 387Mycobacterium ulcerans | 447Methanohalobium australicum | 507Methanohalobium vulgare | 567Rhizobium yanukayae | 628Rhodospirillum malpighiae |
| 028Actinomyces sp. oral taxon 448 | 088Rhodospirillum cepacia | 148Chromobacterium gracile | 208Desulfotulobium faecium | 268Frankia alni | 328Methanocaldococcus marisnigri | 388Mycobacterium vanbaalenii | 448Methanohalobium ciceri | 508Selenomonas methylohalivorans | 568Rhizobium sp. MM 1 | 629Xanthomonas albilineans |
| 029Actinomyces sp. oral taxon 648 | 089Rhodospirillum gladioli | 149Methanocaldococcus RCC307 | 209Rhizobium wadsworthii | 269Frankia sp. Cc13 | 329Methanocaldococcus harrundinaceae | 389Mycobacterium goodii | 449Methanohalobium loti | 509Paracoccus aminophilus | 569Rhizobium wilchii | 630Xanthomonas campestris |
| 030Actinomyces urgentialis | 090Rhodospirillum glumae | 150Clostridium butulinum | 210Desulfotulobium aesopenseis | 270Frankia sp. CAV1/pep | 330Methylobacterium eximius | 390Caralococcus coraloides | 450Methanohalobium opportunistum | 510Paracoccus denitrificans | 570Srhizobium alkalicum | 631Xanthomonas citri |
| 031Actinomyces viscosus | 091Rhodospirillum lata | 151Favonivibrio plautii | 211Desulfotulobium africanus | 271Frankia sp. Eul1c | 331Methylobacterium nodulosum | 391Mycobacterium luteum | 451Sphaerobacterium pallidum | 511Phaeobacter inhibens | 571Sphaerobacterium thersites | 632Xanthomonas fuscans |
| 032Aeromonas hydrophila | 092Rhodospirillum mali | 152Pseudovibrio carpioletti | 212Desulfotulobium gigas | 272Frankia symbiont of Datisca glomerata | 332Methylobacterium populii | 392Mycobacterium stipitatus | 452Prelutea staleyii | 512Pseudovibrio sp. FO BEG1 | 572Klasytopora setae | 633Xanthomonas oryzae |
| 033Aeromonas salmonicida | 093Rhodospirillum multivarians | 153Thermobacterium marianense | 213Gallionella capsuliformans | 273Gallionella capsuliformans | 333Methylobacterium radiotolerans | 393Mycobacterium xanthus | 453Phanerochaete chrysosporium | 513Rhodospirillum capsulatum | 573Sphaerobacterium abietis | |
| 034Aeromonas veronii | 094Rhodospirillum phenoloxidans | 154Acidovorax avenae | 214Desulfotulobium magnetus | 274Sideroxydans lithotrophicus | 334Methylobacterium sp. 4 46 | 394Candidatus Methylobacterium oryzae | 454Rhodospirillum baltica | 514Rhodospirillum sphaeroides | 574Srhizobium avemillae | |
| 035Oceanimonas sp. GK1 | 095Rhodospirillum phytatum | 155Acidovorax citrulli | 215Desulfotulobium piger | 275Geobacter lovleyi | 335Methylobacterium capsulatum | 395Thermobacterium terrenum | 455Rhodospirillum brasiliense | 515Rhodospirillum denitrificans | 575Srhizobium chirochloense | |
| 036Actinobacterium piechaudii | 096Rhodospirillum phytiformans | 156Acidovorax ebureus | 216Desulfotulobium sp. | 276Gammamonas aurantiaca | 336Methylobacterium alkaphilum | 396Nakamurella multiparitia | 456Sphingobacterium acidiphilum | 516Rhodospirillum litoralis | 576Srhizobium caitleya | |
| 037Actinobacterium villosovairans | 097Rhodospirillum pseudomali | 157Acidovorax sp. JS42 | 217Desulfotulobium vulgare | 277Geobacter bismidensis | 337Methylobacterium methanica | 397Halopiger xanaduensis | 457Chroococcoides thermalis | 517Lueraea pomeryi | 577Srhizobium cedeboer | |
| 038Adventella kashmiriensis | 098Rhodospirillum rhizocivium | 158Acidovorax sp. KKS102 | 218Kallimicrobia elrichii | 278Geobacter daltonii | 338Methylobacterium sp. SC2 | 398Halobacterium turkmenica | 458Strangium cellulatum | 518Lueraea sp. TM1040 | 578Srhizobium collinum | |
| 039Bordetella avium | 099Rhodospirillum sp. CCGE 1001 | 159Alcalytophilus denitrificans | 219Halobacterium halophilum | 279Geobacter lovleyi | 339Methylobacterium flagellatus | 399Halobacterium rubrum | 459Barnesiella intestiniphilinis | 519Parvibaculum lavamentorum | 579Srhizobium davansense | |
| 040Bordetella bronchiseptica | 100Rhodospirillum sp. CCGE 1002 | 160Candidatus Symbiobacter mobilis | 220Spiribacter salinus | 280Geobacter metallireducens | 340Methylobacterium populii | 400Nalabala magadii | 460Prevotella dentalis | 520Aromatolium aromaticum | 580Srhizobium galeiense | |
| 041Bordetella parapertussis | 101Rhodospirillum sp. CCGE 1003 | 161Conamonomas testosteroni | 221Spiribacter sp. UAH SPT1 | 281Geobacter sp. M18 | 341Cavibacter michiganensis | 401Nalabema pellulibum | 461Isotriaena variabilis | 521Azarcus sp. BHZ2 | 581Srhizobium gisense | |
| 042Bordetella pertussis | 102Rhodospirillum sp. KJ006 | 162Deltia acidovorans | 222Thioalkalivibrio nitratireducens | 282Geobacter sp. M21 | 342Lefsonia ryfi | 402Nalabema sp. J7 2 | 462Xylanimonas cellulolytica | 522Azarcus sp. KH32C | 582Srhizobium hygrosopicum | |
| 043Bordetella pertussis | 103Rhodospirillum sp. RPE64 | 163Deltia sp. Cst 4 | 223Thioalkalivibrio sp. K93m | 283Geobacter sulfurreducens | 343Microbacterium testaceum | 403Nalabacterium gregoryi | 463Microthamnion phosphovorus | 523Azarcus oryzae | 583Srhizobium pratense | |
| 044Burkholderia thailandensis | 104Rhodospirillum sp. Y123 | 164Polymonas naphthalenivans | 224Thioalkalivibrio sulfidiphilus | 284Geobacter uranireducens | 344Actinobacterium anilatis | 404Natronococcus occultus | 464Propionibacterium acidipropionici | 524Dechloromonas aromatica | 584Srhizobium rapamycinicum | |
| 045Pantoea sp. 77 7 | 105Rhodospirillum vietnamensis | 165Parabacterium JS666 | 225Aerobactria equifaciens | 285Blastosarcospora saxobidens | 345Actinobacterium aureoscens | 405Salinarubrum sp. Harzt Bsk1 | 465Propionibacterium acnes | 525Thaera sp. MZ17 | 585Srhizobium scabiei | |
| 046Taylorella asinigantalis | 106Rhodospirillum xenovorans | 166Ramlibacter tataconus | 226Eggerthella lenta | 286Geodermatophilus obscurus | 346Actinobacterium chlorophenicus | 406Nalabema profundum | 466Propionibacterium avidum | 526Azospirillum brasiliense | 586Srhizobium sp. PAMC26508 | |
| 047Carnobacterium desseleii | 107Carnobacterium metallidurans | 167Rhodospirillum ferredoxin | 227Eggerthella sp. Y7316 | 287Methobacter marinus | 347Actinobacterium phenanthrenivorans | 407Nessieria bacilliformis | 467Propionibacterium freudenreichii | 527Azospirillum spiferum | 587Srhizobium sp. Sirex A E | |
| 048Alcalytophilus acidobacterium | 108Carnobacterium necator | 168Aerobactria parabos | 228Sordaniobacter paleaeae | 288Geobacter klauaensis | 348Actinobacter sp. FB24 | 408Nessieria meningitidis | 468Propionibacterium propionicum | 528Magnetospirillum gryphiswaldense | 588Srhizobium venezuelae | |
| 049Kryptidulaxia | 109Carnobacterium takawansensis | 169Viminitrophobacter eiseniae | 229Siaticella erugia | 289Geobacter sp. M18 | 349Actinobacterium sp. Rue11a | 409Nessieria shayeghanii | 469Actinobacterium vinelandii | 529Magnetospirillum magnificum | 589Srhizobium violaceovirgatum | |
| 050Methylobacterium aeruginosum | 110Lautropia mirabilis | 170Conevibacter wosei | 230Siaticella heliointerducens | 290Stactobacterium nassauensis | 350Oocuria rhizophila | 410Nitrospirillum multiformis | 470Cellulibrio japonicus | 530Parathiospirillum photometricum | 590Srhizobium roseum | |
| 051Polymorphum gilvum | 111Pandoraea promruasa | 171Collinsella aerofaciens | 231Dorobacter koseri | 291Gordonia bronchialis | 351Micrococcus luteus | 411Candidatus Nitrososphaera gargensis | 471Pseudomonas aeruginosa | 531Rhodospirillum centerum | 591Sulfolobus denitrificans | |
| 052Mariprofundus flavescens | 112Pandoraea sp. RB 44 | 172Collinsella intestinalis | 232Dorobacter rodentium | 292Gordonia polyoxydiprenovans | 352Gordonia polyoxydiprenovans | 412Candidatus Nitrosopira deluuii | 472Pseudomonas brassicae | 532Rhodospirillum rubrum | 592Parasutterella eicheniformis | |
| 053Mariprofundus hydrocarbonoclasticus | 113Ristria pickettii | 173Collinsella stercoris | 233Dorobacter sakazakii | 293Gordonia sp. K789 | 353Actinoplanes fulvensis | 413Nocardia brasiliensis | 473Pseudomonas denitrificans | 533Stella mobilis | 593Sutterella panvubra | |
| 054Anaerotruncus thermophila | 114Ristria solarazeorum | 174Collinsella tarakaei | 234Halella chejuensis | 294Halella chejuensis | 354Actinoplanes missouriensis | 414Nocardia cyriacigeorgica | 474Pseudomonas entomophila | 534Rhodothermus marinus | 594Sutterella wadsworthensis | |
| 055Anaeromyxobacter dehalogenans | 115Ristria sp. 5_7_47FAA | 175Candidatus Symbiobacter mobilis | 235Dichya zeeae | 295Halokallomonas jostgallii | 355Actinoplanes sp. N92 109 | 415Nocardia farcinosa | 475Pseudomonas fluorescens | 535Symbiobacterium thermophilum | 595Parasutterella denitrificans | |
| 056Anaeromyxobacter sp. Fw109 5 | 116Lithothrix choldovii | 176Corynebacterium efficiens | 236Ewardsiella piscicola | 296Halobacterium hispanica | 356Actinoplanes sp. SE50 110 | 416Rhodococcus equi | 476Pseudomonas lutea | 536Actinobacterium pascuense | 596Parasutterella denitrificans | |
| 057Anaeromyxobacter sp. K | 117Corynebacterium petroleiphilum | 177Corynebacterium halotolerans | 237Enterobacter aerogenes | 297Halobacterium salinarum | 357Micromonospora aurantiaca | 417Rhodococcus erythropolis | 477Pseudomonas mendocina | 537Actinobacterium sp. 3_L_gmf1 | 597Nestigetles sp. 3_L_gmf1 | |
| 058Oerselia sp. oral taxon 809 | 118Rhodospirillum gelatinosum | 178Corynebacterium jeikeium | 238Enterobacter asburiae | 298Halobacterium mukohataei | 358Micromonospora sp. L5 | 418Rhodococcus jostii | 478Pseudomonas montelii | 538Actinobacterium sp. | 598Sphingobacterium jeikeium | |
| 059Oerselia ul | 119Thiomonas arsenitoxidans | 179Corynebacterium lipopolysaccharidum | 239Enterobacter cancerogenus | 299Halobacterium lamatae | 359Salinispora arenicola | 419Rhodococcus opacus | 479Pseudomonas poae | 539Actinobacterium sp. | 599Sphingobacterium fumarivorans | |
| 060Bacillus megaterium | 120Thiomonas intermedia | 180Corynebacterium mars | 240Enterobacteriaceae | 300Halorubrum utahensis | 360Salinispora tropica | 420Rhodococcus pyridinivorans | 480Pseudomonas | 540Rifselexus castenholzii | 600Marinithrombus hydrothermalis | |

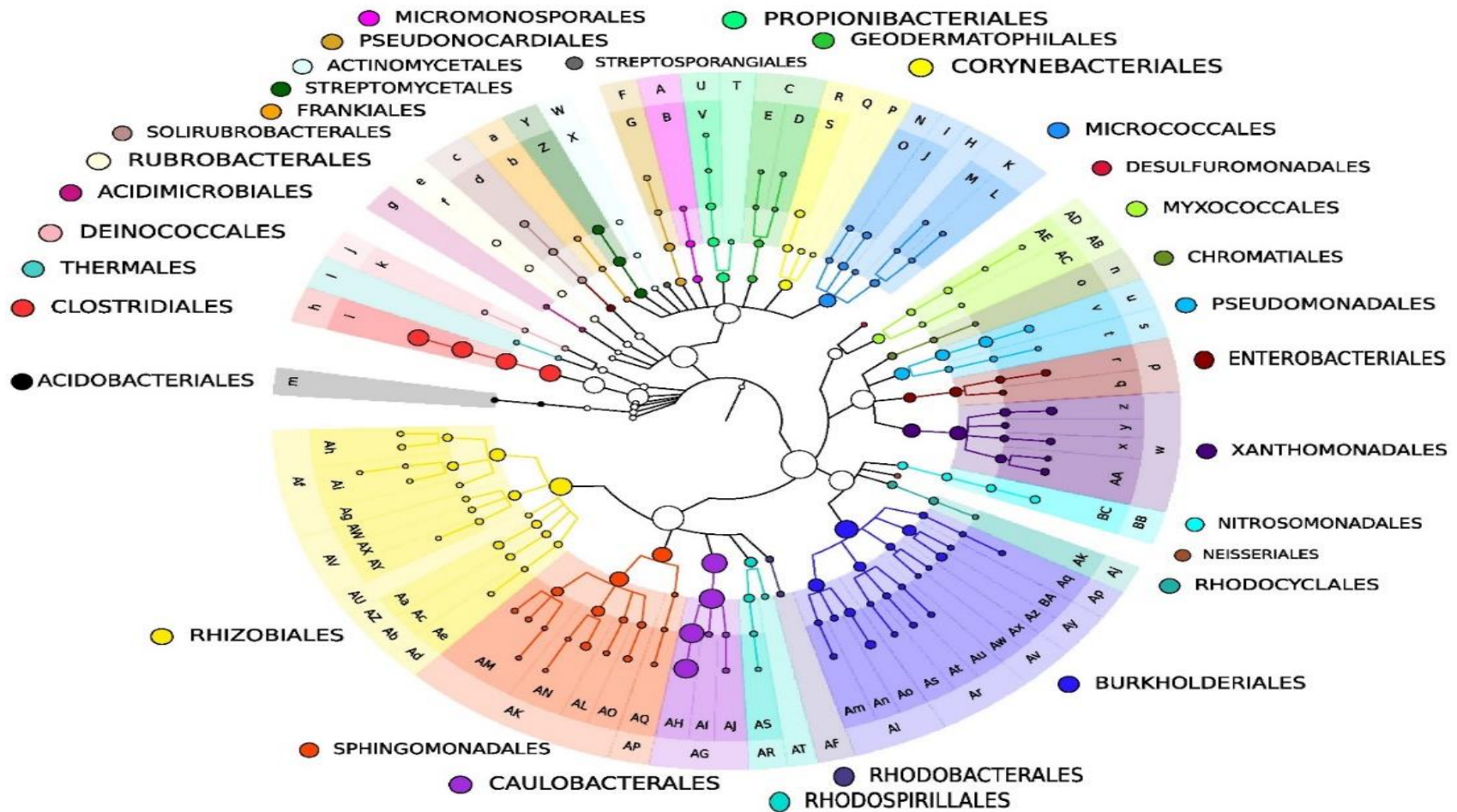


Figura 23. Cladograma de abundancias relativas en el metagenoma Control utilizando Datos filtrados y normalizados

Mediante el software Metaplan2 se consiguió visualizar y agrupar toda la comunidad bacteriana a nivel de orden, siendo representado cada nivel taxonómico con un círculo, mientras más grande es este entonces la diversidad en ese taxón es mayor en comparación de otros taxones en el mismo nivel.

| | | |
|---------------------------|---------------------------|-----------------------|
| A: Micromonosporaceae | B: Actinoplanes | A: Chromobacteriaceae |
| AA: Pseudoxanthomonas | BA: Cupriavidus | 1: Thauera |
| AB: Myxococcaceae | BB: Nitrosomonadaceae | g: Rhodopseudomonas |
| AC: Myxococcus | BC: Nitrospira | 1: Illuminibacter |
| AD: Anaeromyxobacteraceae | C: Geodermatophilaceae | : Chromatiaceae |
| AE: Anaeromyxobacter | D: Geodermatophilus | 1: Rhodococcus |
| AF: Rhodobacteraceae | E: Blastococcus | : Gemmatimonadaceae |
| AG: Caulobacteraceae | F: Pseudonocardiaceae | 1: Gemmatimonas |
| AH: Brevundimonas | G: Saccharomonospora | Geobacteraceae |
| AI: Caulobacter | H: Promicromonosporaceae | 1: Geobacter |
| AJ: Phenylbacterium | I: Micrococcaceae | : Geobacteraceae |
| AK: Sphingomonadaceae | J: Arthrobacter | 1: Geobacter |
| AL: Novosphingobium | K: Microbacteriaceae | |
| AM: Sphingobium | L: Microbacterium | |
| AN: Sphingomonas | M: Clavibacter | |
| AO: Sphingopyxis | N: Cellulomonadaceae | |
| AP: Erythrobacteraceae | O: Cellulomonas | |
| AQ: Erythrobacter | P: Corynebacteriaceae | |
| AR: Rhodospirillaceae | Q: Nocardiaceae | |
| AS: Azospirillum | R: Mycobacteriaceae | |
| AT: Acetobacteraceae | S: Mycobacterium | |
| AU: Hyphomicrobiaceae | T: Propionibacteriaceae | |
| AV: Rhizobiaceae | U: Nocardioideae | |
| AW: Rhizobium | V: Nocardioidea | |
| AX: Agrobacterium | W: Actinomycetaceae | |
| AY: Sinorhizobium | X: Actinomyces | |
| AZ: Methylobacteriaceae | Y: Streptomycetaceae | |
| Aa: Methylobacterium | Z: Streptomyces | |
| Ab: Phyllobacteriaceae | a: Frankiaceae | |
| Ac: Mesorhizobium | b: Frankia | |
| Ad: Xanthobacteraceae | c: Conexibacteraceae | |
| Ae: Starkeya | d: Conexibacter | |
| Af: Bradyrhizobiaceae | e: Rubrobacteraceae | |
| Ag: Afipia | f: Rubrobacter | |
| Ah: Nitrobacter | g: Acidimicrobiaceae | |
| Ai: Bradyrhizobium | h: Lachnospiraceae | |
| Aj: Rhodocyclaceae | i: Anaerostipes | |
| Ak: Azoarcus | j: Deinococcaceae | |
| Al: Comamonadaceae | k: Deinococcus | |
| Am: Variovorax | l: Thermaceae | |
| An: Acidovorax | m: Acidobacteriaceae | |
| Ao: Ramlibacter | n: Ectothiorhodospiraceae | |
| Ap: Oxalobacteraceae | o: Thioalkalivibrio | |
| Aq: Massilia | p: Enterobacteriaceae | |
| Ar: Burkholderiales | q: Enterobacter | |
| As: Leptothrix | r: Escherichia | |
| At: Rubrivivax | s: Moraxellaceae | |
| Au: Methylobium | t: Acinetobacter | |
| Av: Alcaligenaceae | u: Pseudomonadaceae | |
| Aw: Achromobacter | v: Pseudomonas | |
| Ax: Bordetella | w: Xanthomonadaceae | |
| Ay: Burkholderiaceae | x: Stenotrophomonas | |
| Az: Burkholderia | y: Xanthomonas | |
| | z: Rhodanobacter | |

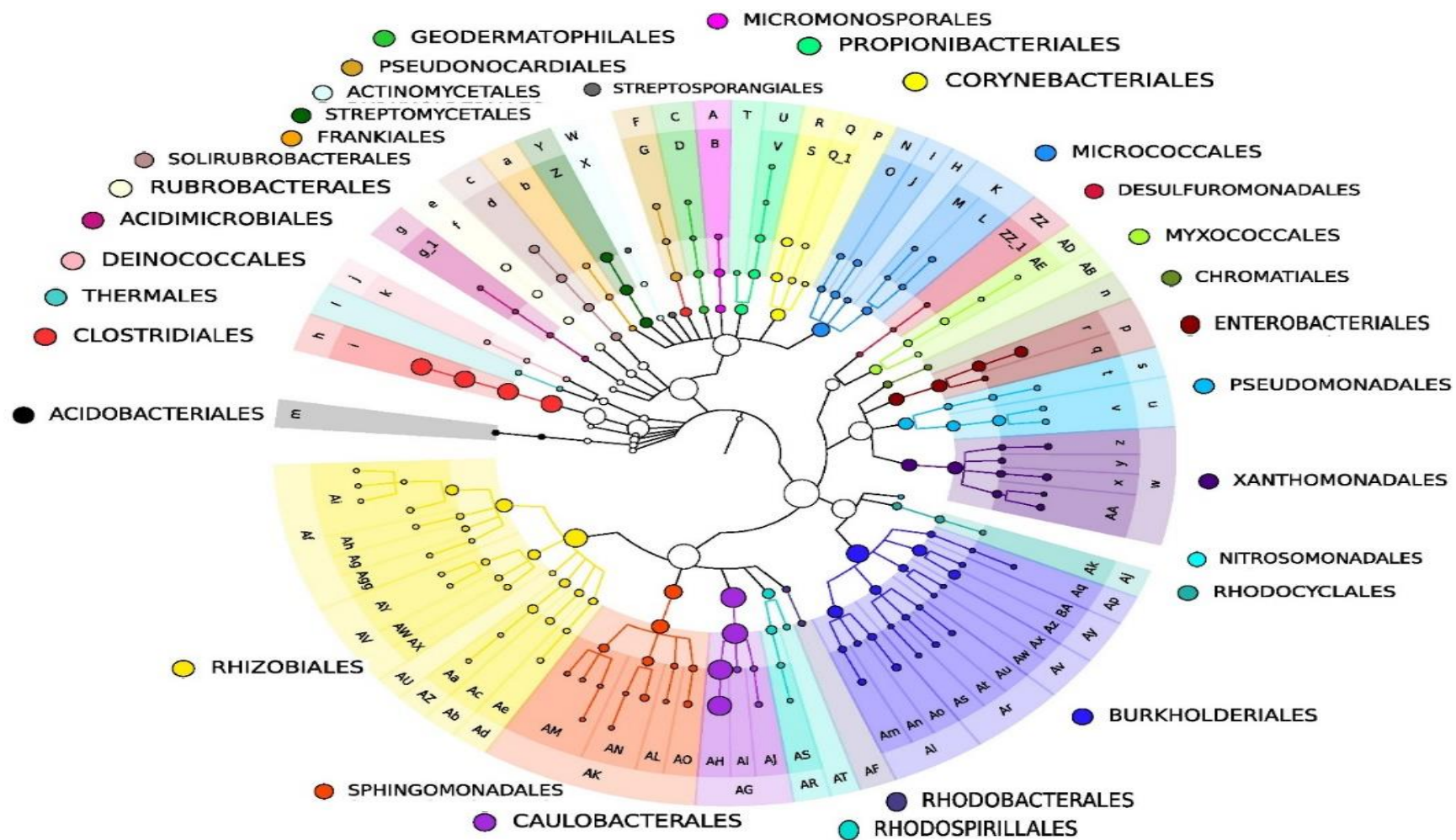


Figura 24. Cladograma de abundancias relativas en tratamiento (aBss4) utilizando Datos filtrados y normalizados.

A: Micromonosporaceae
AA: Pseudoxanthomonas
AB: Myxococcaceae
AC: Myxococcus
AD: Anaeromyxobacteraceae
AE: Anaeromyxobacter
AF: Rhodobacteraceae
AG: Caulobacteraceae
AH: Brevundimonas
AI: Caulobacter
AJ: Phenylbacterium
AK: Sphingomonadaceae
AL: Novosphingobium
AM: Sphingobium
AN: Sphingomonas
AO: Sphingopyxis
AP: Erythrobacteraceae
AQ: Erythrobacter
AR: Rhodospirillaceae
AS: Azospirillum
AT: Acetobacteraceae
AU: Hyphomicrobiaceae
AV: Rhizobiaceae
AW: Rhizobium
AX: Agrobacterium
AY: Sinorhizobium
AZ: Methylobacteriaceae
Aa: Methylobacterium
Ab: Phyllobacteriaceae
Ac: Mesorhizobium
Ad: Xanthobacteraceae
Ae: Starkeya
Af: Bradyrhizobiaceae
Ag: Afipia
Ah: Nitrobacter
Ai: Bradyrhizobium
Aj: Rhodocyclaceae
Ak: Azoarcus
Al: Comamonadaceae
Am: Variovorax
An: Acidovorax
Ao: Ramlibacter
Ap: Oxalobacteraceae
Aq: Massilia
Ar: Burkholderiales
As: Leptothrix
At: Rubrivivax
Au: Methylibium
Av: Alcaligenaceae
Aw: Achromobacter
Ax: Bordetella
Ay: Burkholderiaceae
Az: Burkholderia

B: Actinoplanes
BA: Cupriavidus
BB: Nitrosomonadaceae
BC: Nitrosospira
C: Geodermatophilaceae
D: Geodermatophilus
E: Blastococcus
F: Pseudonocardiaceae
G: Saccharomonospora
H: Promicromonosporaceae
I: Micrococcaceae
J: Arthrobacter
K: Microbacteriaceae
L: Microbacterium
M: Clavibacter
N: Cellulomonadaceae
O: Cellulomonas
P: Corynebacteriaceae
Q: Nocardiaceae
R: Mycobacteriaceae
S: Mycobacterium
T: Propionibacteriaceae
U: Nocardioideae
V: Nocardioideae
W: Actinomycetaceae
X: Actinomyces
Y: Streptomycetaceae
Z: Streptomyces
a: Frankiaceae
b: Frankia
c: Conexibacteraceae
d: Conexibacter
e: Rubrobacteraceae
f: Rubrobacter
g: Acidimicrobiaceae
h: Lachnospiraceae
i: Anaerostipes
j: Deinococcaceae
k: Deinococcus
l: Thermaceae
m: Acidobacteriaceae
n: Ectothiorhodospiraceae
o: Thioalkalivibrio
p: Enterobacteriaceae
q: Enterobacter
r: Escherichia
s: Moraxellaceae
t: Acinetobacter
u: Pseudomonadaceae
v: Pseudomonas
w: Xanthomonadaceae
x: Stenotrophomonas
y: Xanthomonas
z: Rhodanobacter

AAA: Chromobacteriaceae
Aj_1: Thauera
Agg: Rhodopseudomonas
g_1: Illumatobacter
oo: Chromatiaceae
Q_1: Rhodococcus
XX: Gemmatimonadaceae
XX_1: Gemmatimonas
YY: Geobacteraceae
YY_1: Geobacter
ZZ: Geobacteraceae
ZZ_1: Geobacter

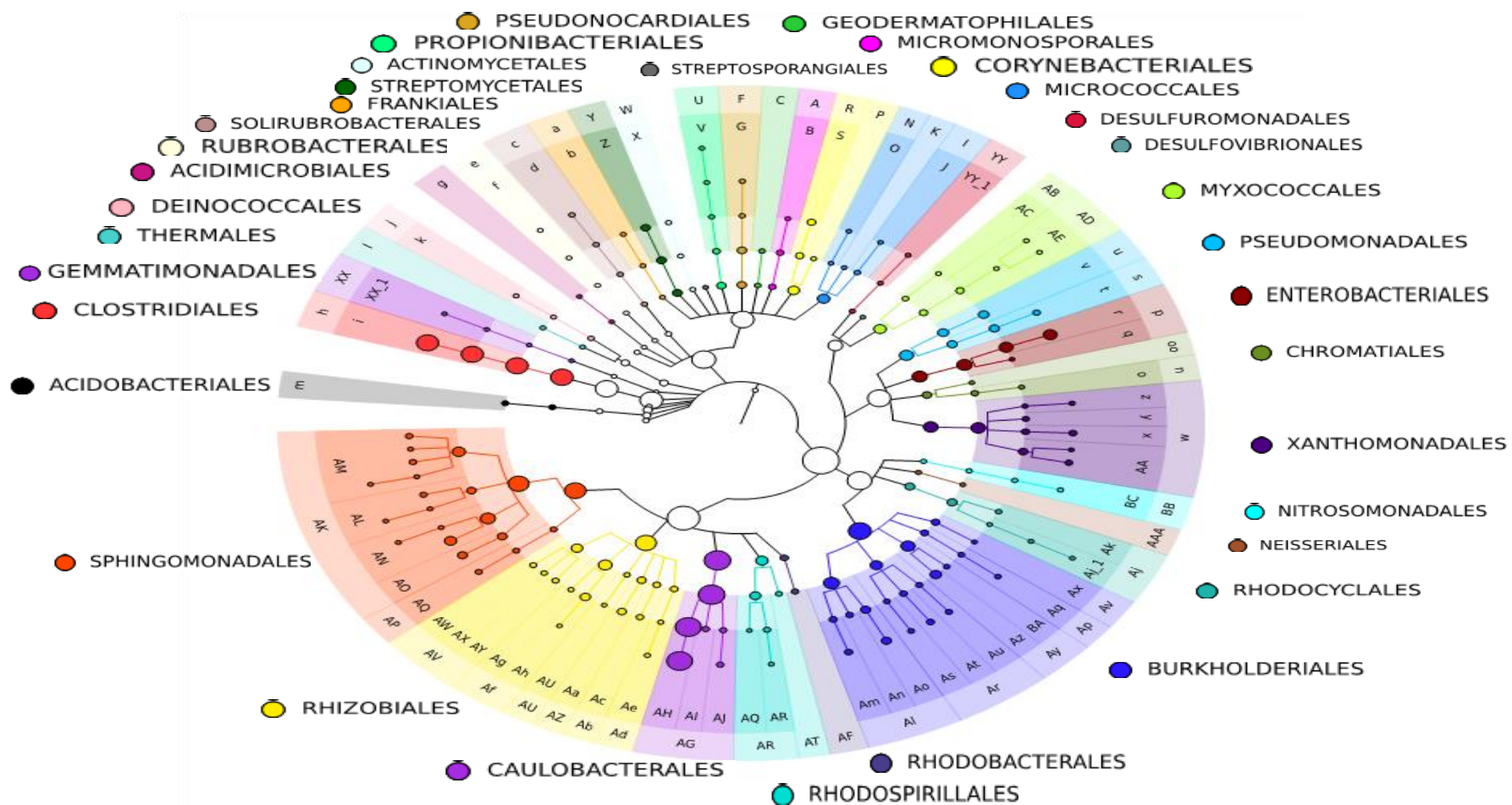


Figura 25. Cladograma de abundancias relativas en tratamiento (aBss8/18) utilizando Datos filtrados y normalizados.

A: Micromonosporaceae
AA: Pseudoxanthomonas
AB: Myxococcaceae
AC: Myxococcus
AD: Anaeromyxobacteraceae
AE: Anaeromyxobacter
AF: Rhodobacteraceae
AG: Caulobacteraceae
AH: Brevundimonas
AI: Caulobacter
AJ: Phenyllobacterium
AK: Sphingomonadaceae
AL: Novosphingobium
AM: Sphingobium
AN: Sphingomonas
AO: Sphingopyxis
AP: Erythrobacteraceae
AQ: Erythrobacter
AR: Rhodospirillaceae
AS: Azospirillum
AT: Acetobacteraceae
AU: Hyphomicrobiaceae
AV: Rhizobiaceae
AW: Rhizobium
AX: Agrobacterium
AY: Sinorhizobium
AZ: Methylobacteriaceae
Aa: Methylobacterium
Ab: Phyllobacteriaceae
Ac: Mesorhizobium
Ad: Xanthobacteraceae
Ae: Starkeya
Af: Bradyrhizobiaceae
Ag: Afipia
Ah: Nitrobacter
Ai: Bradyrhizobium
Aj: Rhodocyclaceae
Ak: Azoarcus
Al: Comamonadaceae
Am: Variovorax
An: Acidovorax
Ao: Ramlibacter
Ap: Oxalobacteraceae
Aq: Massilia
Ar: Burkholderiales
As: Leptothrix
At: Rubrivivax
Au: Methylibium
Av: Alcaligenaceae
Aw: Achromobacter
Ax: Bordetella
Ay: Burkholderiaceae
Az: Burkholderia

B: Actinoplanes
BA: Cupriavidus
BB: Nitrosomonadaceae
BC: Nitrospira
C: Geodermatophilaceae
D: Geodermatophilus
E: Blastococcus
F: Pseudonocardiaceae
G: Saccharomonospora
H: Promicromonosporaceae
I: Micrococcaceae
J: Arthrobacter
K: Microbacteriaceae
L: Microbacterium
M: Clavibacter
N: Cellulomonadaceae
O: Cellulomonas
P: Corynebacteriaceae
Q: Nocardiaceae
R: Mycobacteriaceae
S: Mycobacterium
T: Propionibacteriaceae
U: Nocardioideaceae
V: Nocardioides
W: Actinomycetaceae
X: Actinomyces
Y: Streptomycetaceae
Z: Streptomyces
a: Frankiaceae
b: Frankia
c: Conexibacteraceae
d: Conexibacter
e: Rubrobacteraceae
f: Rubrobacter
g: Acidimicrobiaceae
h: Lachnospiraceae
i: Anaerostipes
j: Deinococcaceae
k: Deinococcus
l: Thermaceae
m: Acidobacteriaceae
n: Ectothiorhodospiraceae
o: Thioalkalivibrio
p: Enterobacteriaceae
q: Enterobacter
r: Escherichia
s: Moraxellaceae
t: Acinetobacter
u: Pseudomonadaceae
v: Pseudomonas
w: Xanthomonadaceae
x: Stenotrophomonas
y: Xanthomonas
z: Rhodanobacter

AAA: Chromobacteriaceae
Aj_1: Thauera
Agg: Rhodopseudomonas
g_1: Illumatobacter
oo: Chromatiaceae
Q_1: Rhodococcus
XX: Gemmatimonadaceae
XX_1: Gemmatimonas
YY: Geobacteraceae
YY_1: Geobacter
ZZ: Geobacteraceae
ZZ_1: Geobacter

Con el análisis por el método descrito por Stekel y colaboradores (Stekel *et al.*, 2000), filtramos los datos normalizados para eliminar posibles faltos positivos. En la Figura 26 se muestra el número de especies y su valor en el estadístico R que fue graficado. El conjunto de datos cae en dos regiones para $1 \leq R \leq 23$ de número de especies con lo cual, se toman todos los datos que se encuentren por arriba de un R mayor de 500 obteniendo un total de 53 especies.

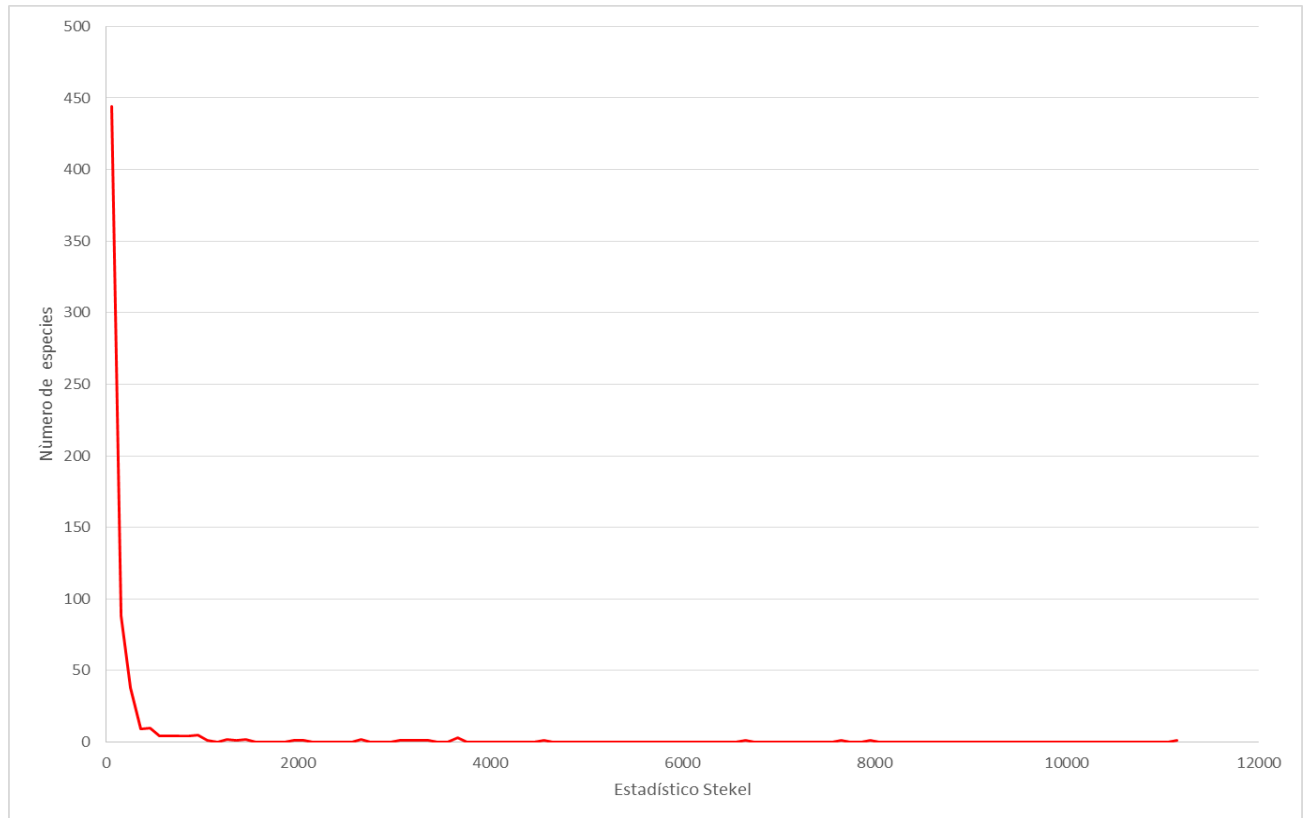


Figura 26. Número de especies graficado contra el valor del test estadístico R .

Con las 53 especies que se muestran significativamente diferentes se generó un gráfico para comparar sus abundancias entre los diferentes tratamientos aBss4 y aBss8/18 contra el Control (Figura 27). La especie número 5 que corresponde a *Acetivibrio pittii* es la que muestra un mayor cambio en los datos siendo seis veces mayor en el tratamiento aBss8/18 en comparación al control. *Chryseobacterium gleum* (taxón 5) muestra un aumento en aBss4 casi cuatro veces mayor frente al control. En cuanto a los datos que son inferiores al control destacan *Pseudomonas monteilii* siendo cuatro veces

menor en el tratamiento aBss8/18, *Nitrosospira multiformis* y *Nocardioides sp. JS614* es tres veces menor y corresponden a los tratamientos aBss8/18 y aBss4 respectivamente. También cabe destacar las especies 45-50 que corresponden a los géneros *Sphingobium* y *Sphingomonas* mientras que con aBss4 disminuyen, con aBss8/18 aumentan.

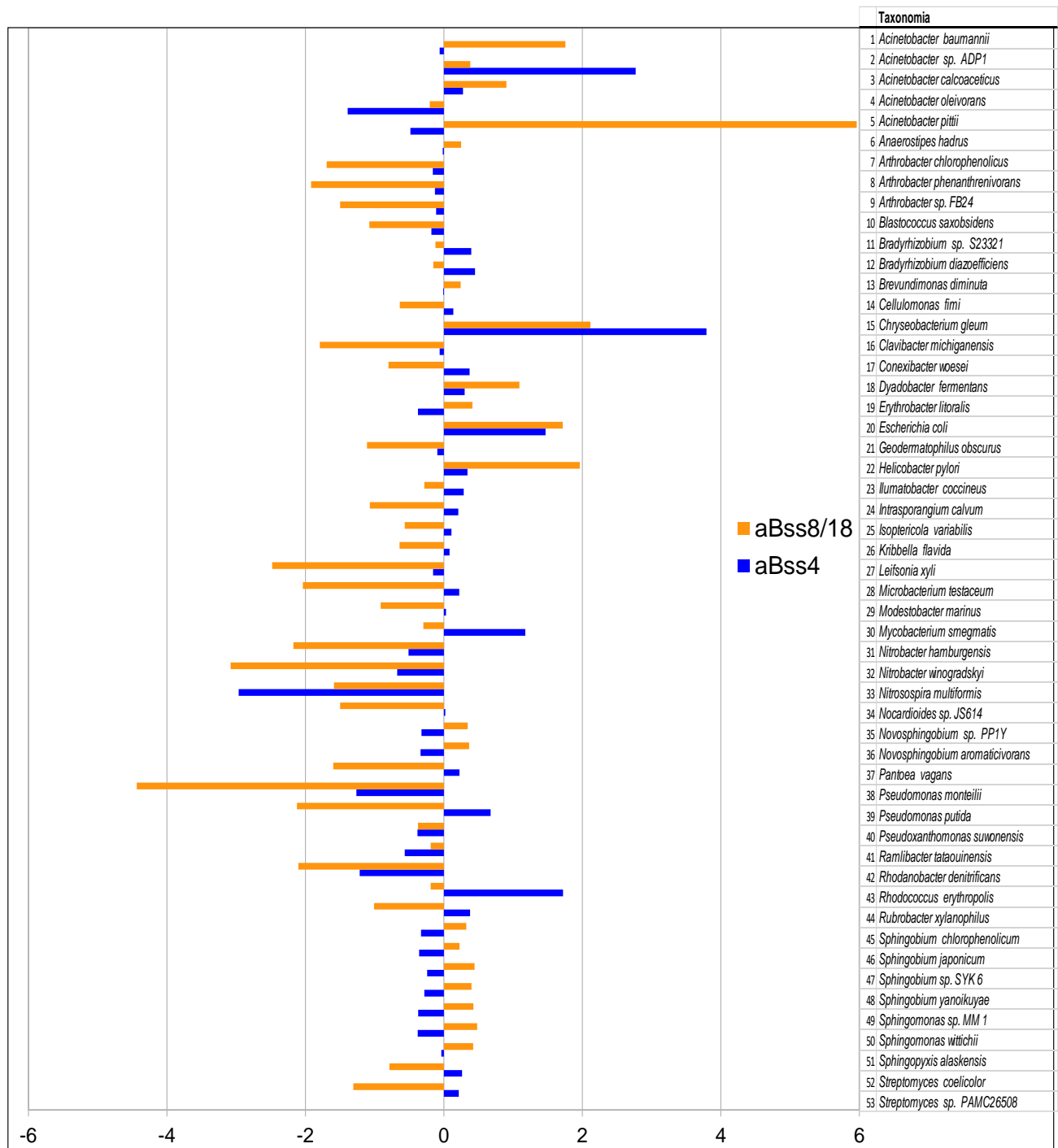


Figura 27. Comparación en la abundancia a nivel de especie entre los tratamientos aBss4 y aBss8/18 frente al Control, de las 53 especies con abundancia significativamente distinta.

4. Ensamblajes de metagenomas

Los primeros ensamblajes mediante el software Ray-Meta y MEGAHIT se repitieron variando algunos parámetros como el K-mer y la longitud mínima para encontrar el mejor ensamble (Tabla 13). Los archivos utilizados para el ensamble contenían aproximadamente 30 millones de lecturas de modo que, los resultados que mostraban <1000 contigs fueron descartados ya que estadísticamente cada contig debería tener más de 50, 000 lecturas por lo cual con Meta-Ray el mejor resultado es a K-mer 31 y una longitud mínima de 300 pb. Comparando los diferentes parámetros de MEGAHIT encontramos que a un elevado valor de k-mer 141 a pesar de tener un mayor número de contigs la mayoría tienen una longitud menor a 300 pb a un valor k-mer a 31 el número de contigs es menor comparando con un valor de k-mer 41, pero ofrece el mayor número de contigs además de una mejor longitud (>5000pb). Analizando estos últimos parámetros de MEGAHIT, se optó por usar un valor k-mer 31 para los posteriores análisis y asignación de genes.

Tabla 12. Estadísticos ensamblajes Ray vs MEGAHIT.

| Software | K-mer | Longitud mínima del contig (pb) | Número de contigs | N50 |
|-----------------|-------|---------------------------------|-------------------|-----|
| Meta-Ray | 31 | 300 | 279,030 | 343 |
| | 31 | 700 | 558 | 839 |
| | 41 | 700 | 427 | 833 |
| | 96 | 300 | 59 | 848 |
| MEGAHIT | 31 | 500 | 70,922 | 595 |
| | 41 | 500 | 310,746 | 571 |
| | 141 | 200 | 5,456,938 | 379 |

5. Obtención de ORFs para la asignación de genes

Los contigs generados con el ensamblaje usando la base de datos COG (Clusters of Orthologous Groups) fueron agrupados mediante el software Shotmap. La agrupación se realizó en familias de genes así mismo, los ORFs se analizaron mediante la plataforma KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) utilizando la herramienta GhostKOALA (KEGG Orthology And Links Annotation) (Kanehisa *et al.*, 2016). La tabla 14 resume la cantidad de genes asignados por muestra, así como la cantidad de ORFs encontrados.

Tabla 13. Resumen de genes asignados y número de ORFs mediante Shotmap.

| | # Contigs | # de genes asignados en COG | # de ORFs | # de genes asignados en KEGG |
|-----------------|------------------|------------------------------------|------------------|-------------------------------------|
| Control | 310,746 | 257,749 | 413,883 | 211,510 |
| aBss4 | 226,417 | 188,829 | 299,463 | 151,654 |
| aBss8/18 | 140,253 | 115,173 | 184,190 | 92,739 |

De las 25 categorías que cuenta COG, 23 de ellas fueron asignadas a los datos (Figura 28). Dos categorías fueron encontradas con una proporción mayor al 15% de la abundancia total de cada muestra; la primera fue asignada a la categoría [S] (Función Desconocida) y la segunda a la categoría [R] (Función general) con lo cual podemos apreciar una enorme cantidad de potenciales genes aún desconocidos.

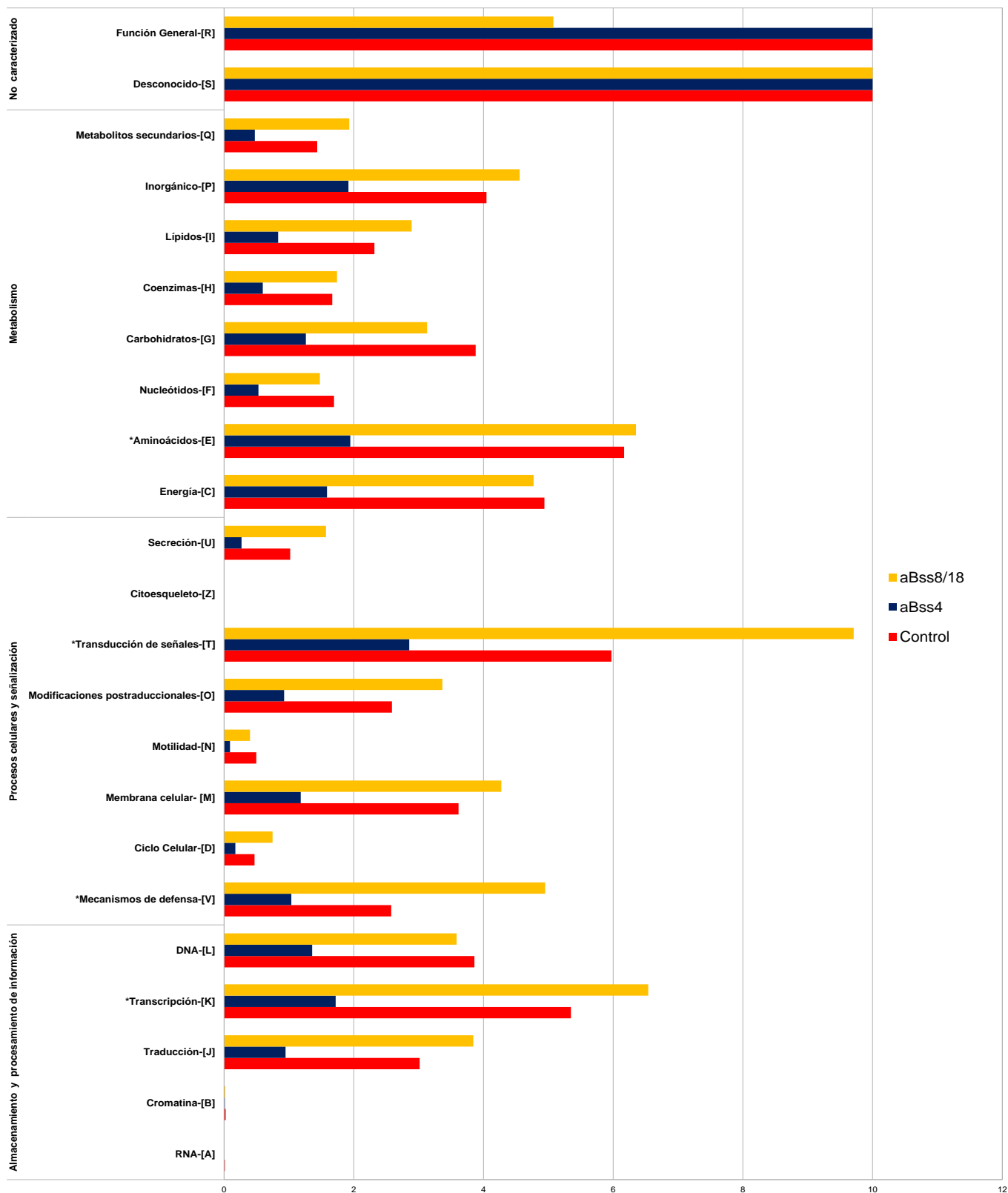


Figura 28. Composición funcional de metagenoma rizosférico COG.

Los números que se encuentran en las categorías [S] y [R] son valores a los cuales llega cada tratamiento. Las categorías marcadas con “*” indican una diferencia significativa que se obtuvo al aplicar la formula definida en Stekel, et al., 2000 (Anexo 8).

Con la herramienta GhostKOALA (KEGG Orthology And Links Annotation) disponible en KEGG se realizaron las anotaciones en los metagenomas, con los datos se construyó un histograma (Figura 29) que muestra las categorías funcionales y la abundancia relativa de los metagenomas de acuerdo a cada categoría. A estos mismos datos se realizó un análisis basado en la fórmula de Stekel, *et al.*, 2000, encontrando que las categorías “Procesamiento de la información”, “Procesamiento ambiental” y “Procesos celulares” son significativamente diferentes. Posteriormente, se eligieron categorías en KEGG la mayoría de las rutas “Carbono”, “Lípidos”, “Nucleótidos”, “Energía”, “Aminoácidos” fueron para analizar y observar cómo se comporta los genes que intervienen en la energía; en cuanto a las demás categorías “Biosíntesis”, “Xenobióticos”, “Planta-Patógeno”, “Secreción bacteriana”, “Quorum Sensing” se eligieron para analizar si hay diferencias significativas al utilizar los compuestos PCV ya que pueden estar ligadas a la salud y protección de la planta por parte de los microorganismos presentes en suelo (Figura 29).

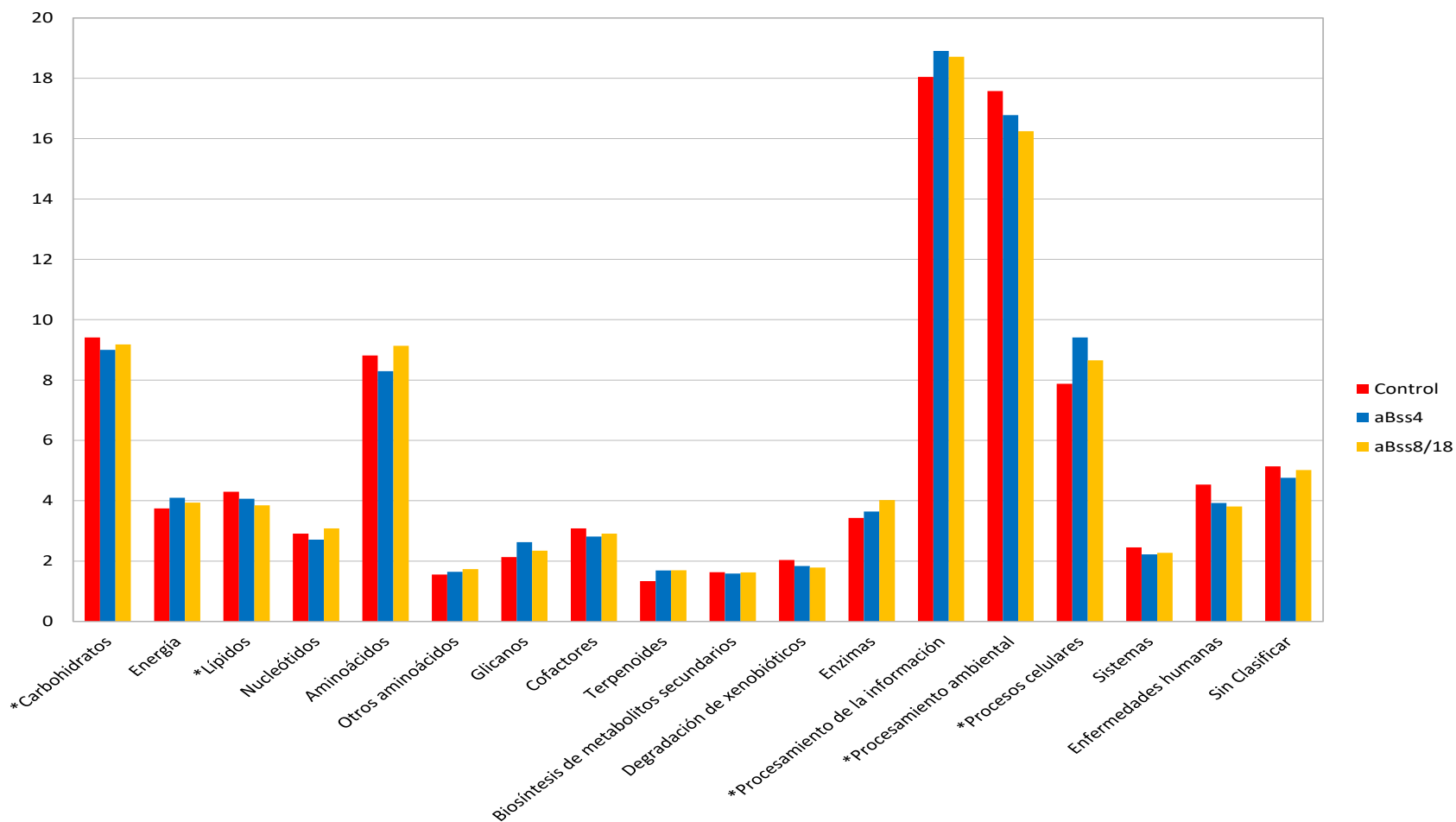


Figura 29. Composición funcional de metagenoma rizosférico según la base de datos KEGG.

Las categorías marcadas con “*” indican una diferencia significativa que se obtuvo al aplicar la fórmula definida en Stekel, et al., 2000 (Anexo 8). La asignación de las categorías fue generada en la plataforma KEGG.

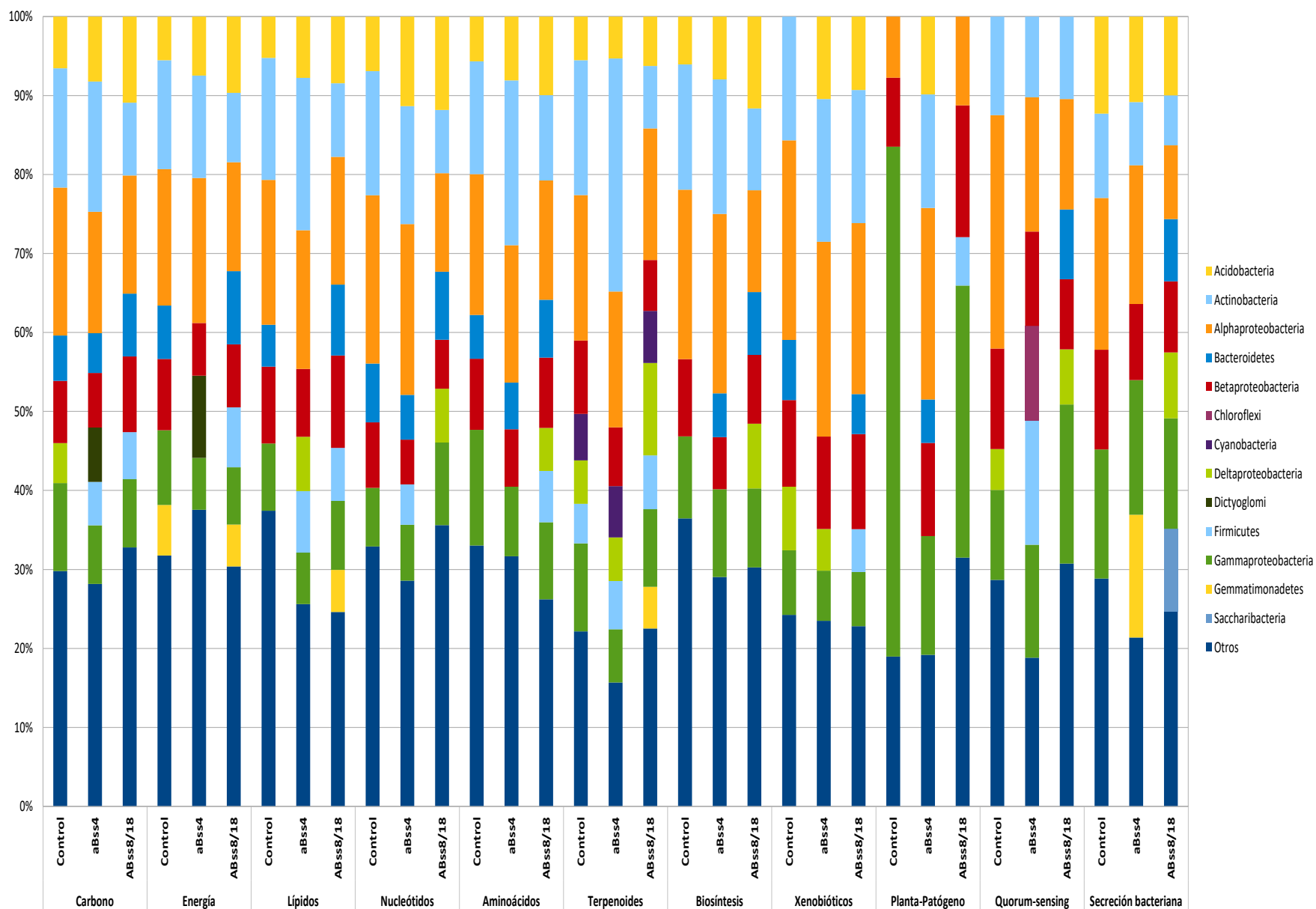


Figura 30. Distribución microbiana en categorías KEGG.

La distribución microbiana se clasificó por categoría (Carbono, Energía, Lípidos, Nucleótidos, Aminoácidos, Terpenoides, Biosíntesis, Xenobióticos, Planta-patógeno, Quorum sensing y secreción bacteriana), librería (Control, aBss4 y aBss8/18) y a nivel de filo (Acidobacteria, actinobacteria, alphaproteobacteria, bacteroidetes, betaproteobacteria, chloroflexi, cyanobacteria, deltaproteobacteria, dictyoglomi, firmicutes, gammaproteobacteria, gemmatimonadetes, saccharibacteria y otros).

Las once categorías muestran diferencias entre la diversidad microbiana de cada metagenoma asociada a las diferentes funciones metabólicas, Carbono: el filo firmicutes se encuentran en los tratamientos, en el caso de aBss4, Dictyoglomi fue encontrado y deltaproteobacteria que se encuentra en control se encuentra en una abundancia menor al 5 % en los otros metagenomas. Energía: el filo Dictyoglomi está nuevamente presente en aBss4 con una abundancia mayor al 10% mientras que en los otros se encuentra en una abundancia menor al 0.01% sin embargo, el filo Gemmatimonadetes se encuentra en una proporción apenas de 2.5%. Lípidos: Firmicutes se encuentra mayoritariamente presente en aBss4 y aBss8/18 este último presenta un aumento en gemmatimonadetes que no se encuentra en los otros. Nucleótidos: aBss8/18 tiene un incremento en deltaproteobacteria. Aminoácidos: A pesar de encontrarse deltaproteobacteria y firmicutes en aBss8/18 no hay una diferencia significativa con los demás metagenomas ya que por parte de Firmicutes su abundancia se encuentra en Control (4.22%), aBss4 (4.9%) y aBss8/18 (6.48%) todos los porcentajes se encuentran en el (anexo 12). Terpenoides: aBss4 presenta un aumento dos veces mayor frente al control en Actinobacterias, mientras que aBss8/18 presenta una abundancia de 5.28% en Gemmatimonadales contra Control (1.49%) y aBss4 (1.12%). Biosíntesis: Se aprecia un incremento de Bacteroidetes entre Control (4.81%) y aBss8/18 (7.59%). Xenobióticos: un aumento de Acidobacterias en aBss4 y aBss8/18. Planta-Patógeno: Control muestra una abundancia de pocos géneros de los cuales "Otros" representan menos de 20% siendo Gammaproteobacteria el más abundante con más del 60%, este último orden se encuentra reducido en los demás metagenomas, sin embargo, alphaproteobacterias se encuentran más abundantes que en Control. Quorum-sensing: el filo Chloroflexi se encuentra hasta tres veces mayor en aBss4 y Firmicutes hasta cuatro veces a diferencia de los restantes de igual forma ocurre lo mismo en Bacteroidetes para aBss8/18.

Secreción bacteriana: Saccaribacteria se encuentra muy por encima en aBss8/18 contra los otros teniendo una abundancia mayor a 10% contra menos de 0.5% en Control, por otra parte, aBss4 muestra un incremento en Gemmatimonadetes tres veces mayor (Figura 30).

6. Genes que codifican enzimas asociadas a los principales metabolismos (N, S, P)

Dada la enorme cantidad de información que se obtuvo con el análisis con KEGG, se decidió analizar con mayor detalle las rutas metabólicas relacionadas con el metabolismo del Nitrógeno, Azufre y Fósforo, debido al impacto que estos elementos tienen en la nutrición de la planta, así como su ciclo de vida (Naoko & Wasaki, 2010).

6.1. Metabolismo del Nitrógeno

El nitrógeno es uno de los tres nutrientes principales para la planta pues, estimula el crecimiento de tallos y hojas, además forma parte de las proteínas vegetales y tienen un papel como reserva ya sea en las semillas u otros órganos de reproducción (Rico & Pérez, 2013). Además, el nitrógeno está presente en todas las funciones y procesos importante para todo el ciclo de vida de la planta, desde absorción iónica hasta su participación en el RNA y DNA, siendo de gran importancia en el crecimiento y diferenciación de los tejidos de la planta (Malavolta, 2006).

En los tres metagenomas (Control, aBss4 y aBss8/18) se encontró un gran número de genes involucrados en la ruta del Nitrógeno, sin embargo, en la ruta de fijación de nitrógeno los genes *nif* no fueron encontrados en aBss8/18y de forma muy baja en Control siendo aBss4 el metagenoma en el que fueron encontrados todos los genes *nifD*, *nifK*, *nifH* necesarios para llevar a cabo esta ruta (Figura 31).

En la ruta desnitrificación (Figura 32) el gen *nirK* se encuentra en la mayor abundancia de esta ruta en los metagenomas Control y aBss8/18 siendo la abundancia en aBss4 la mitad de las otras, en cuanto al complejo de genes *narGHI* el metagenoma aBss4 muestra una abundancia mayor que en los restantes (Figura 32 A). En cuanto a la abundancia de microorganismos a nivel de filo, actinobacterias y alfa proteobacterias se ven disminuidas en aBss8/18 a comparación de los otros, además, la abundancia en deltaproteobacteria, nitrospirae y gemmatimonadetes aumenta considerablemente (Figura 32 B). En cuanto a aBss4 aumenta las actinobacterias y alfa proteobacterias caso contrario con aBss8/18.

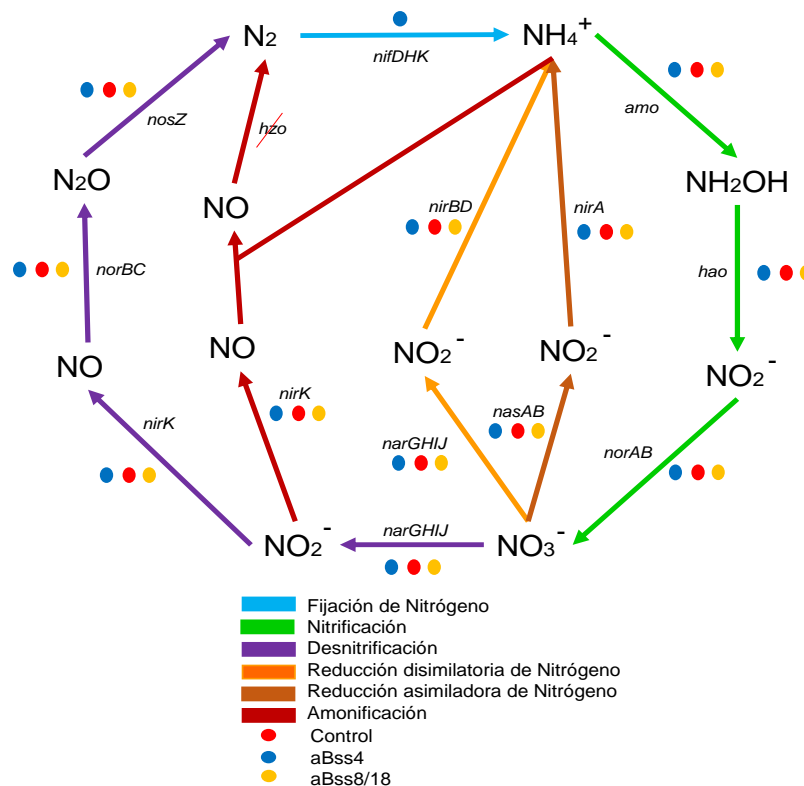
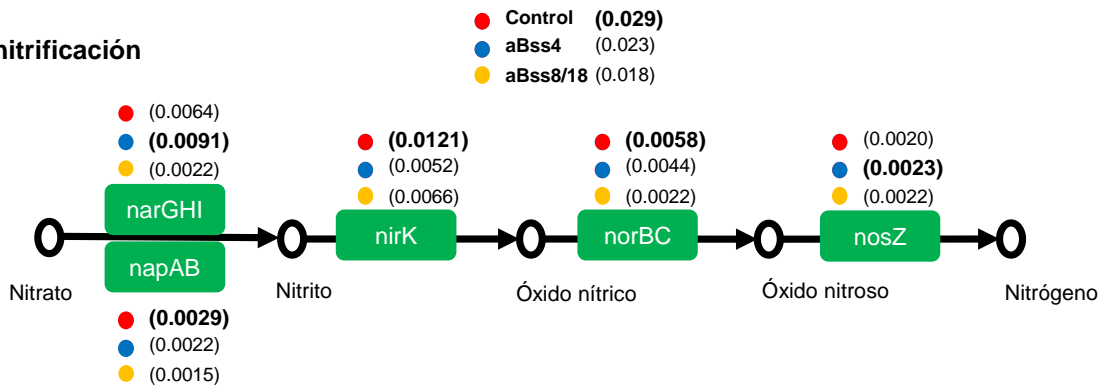


Figura 31. Diagrama del metabolismo del nitrógeno en suelo rizosférico.

Las flechas de distinta coloración marcan las rutas de interés, siendo las flechas azules: Fijación de Nitrógeno; Flecha verde: Nitrificación; Flecha violeta: Desnitrificación; Flecha Naranja: Reducción disimilatoria de Nitrógeno; Flecha marrón: Reducción asimiladora de Nitrógeno; Flecha roja: Amonificación. Sobre las flechas se indican los genes implicados en la ruta, siendo: *nif*, nitrogenasa (Subunidades D, H, K); *amo*, (amonía monoxigenasa); *hao*, (hidroxilamina deshidrogenasa); *norAB*, (nitrito reductasa); *narGHIJ*, (nitrito reductasa disimilatoria); *nirK*, (nitrito reductasa); *norBC*, (oxido-nítrico reductasa); *nosZ*, (oxido-nitroso reductasa); *nasAB*, (nitrito reductasa asimiladora); *nirA*, (ferroxinitrito reductasa); *nirBD*, (Nitrito reductasa NADH); *hzo*; hidracina oxidoreductasa). Los círculos con color indican que metagenomas si presentan los genes necesarios para realizar la ruta, siendo Círculo rojo: Microbioma Control; Círculo azul: Microbioma aBss4 y Círculo amarillo: microbioma aBss8/18.

A)

Desnitrificación



B)

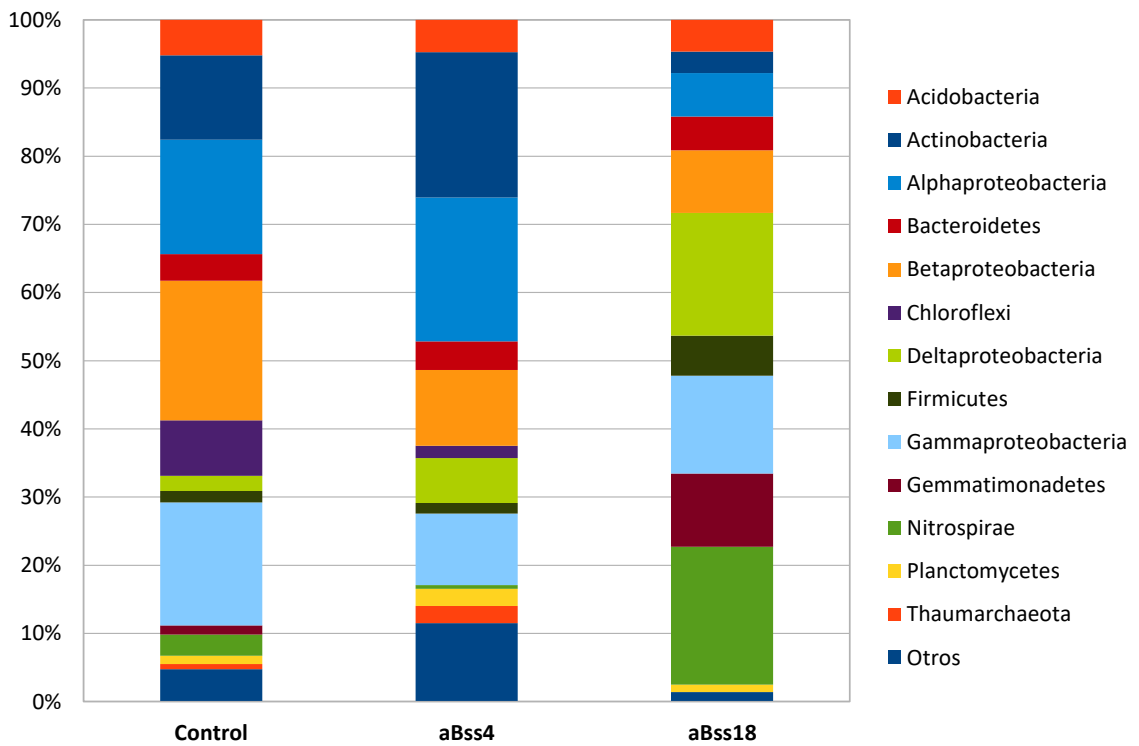


Figura 32. **Metabolismo del Nitrógeno - Reducción disimilatoria de nitrato.**

A) Ruta de desnitrificación cada color es asignado a un metagenoma, los números presentes corresponden a la abundancia relativa de cada gen dentro del metabolismo del nitrógeno. B) Corresponde a la diversidad total de la ruta desnitrificadora a nivel taxonómico de filo y clase (para las proteobacterias).

En la ruta Fijación de nitrógeno no se detectaron genes *nif* en aBss8/18, en Control solamente se encontraron *nifD* y *nifK* a niveles basales. Particularmente en aBss4 se encontraron todos los genes necesarios para realizar la fijación (Complejo *nifDKH*) con una abundancia cuatro veces mayor a comparación del Control. Comparando la abundancia microbiana Control cuenta con tres géneros (*Desulfurivibrio*, *Vitreoscilla* y *Rhodomicrobium*) mientras que aBss4 se detectaron *Klebsiella* y *Cylindrospermum* (Figura 33).

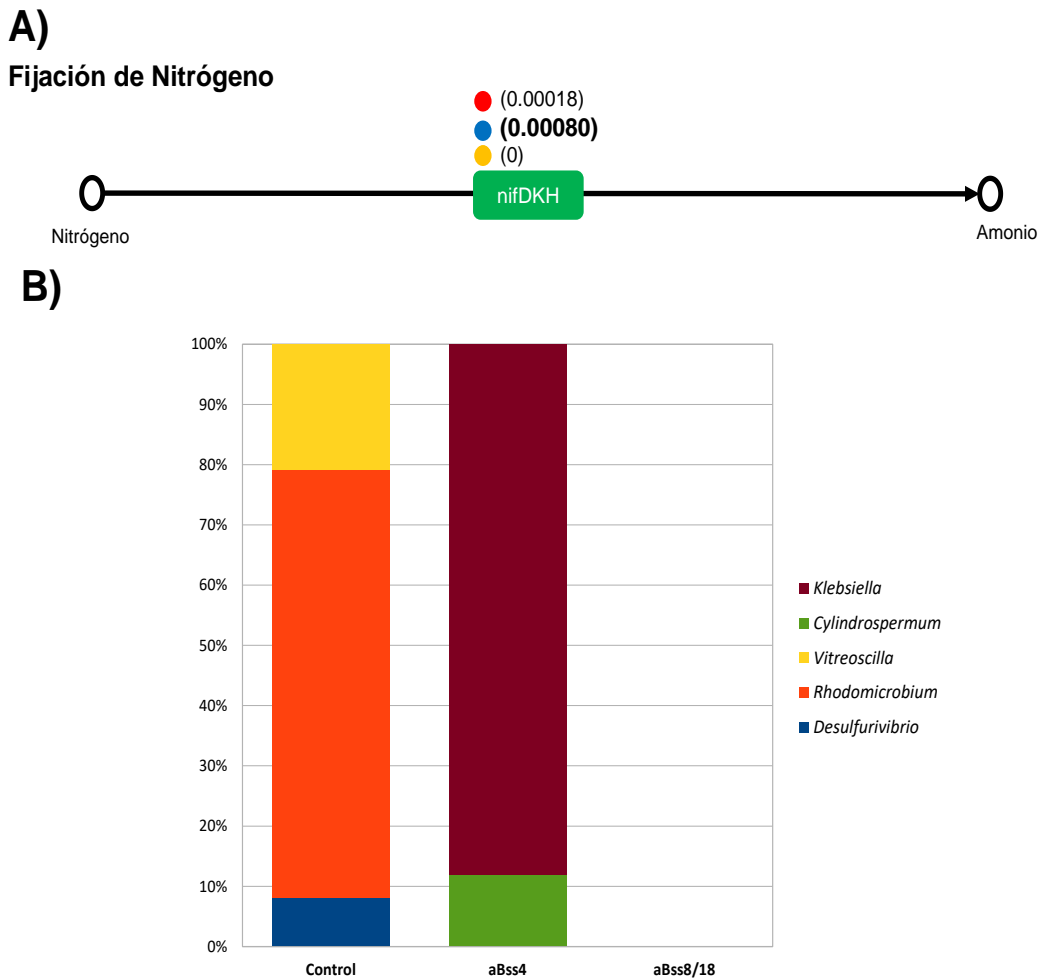


Figura 33. **Metabolismo del nitrógeno - Fijación de Nitrógeno.**

El esquema del metabolismo del nitrógeno representa en A) el índice porcentual de copias génicas presentes en cada fase de la ruta y B) un histograma representa la taxonomía asignada con esas copias génicas a nivel de género.

La ruta nitrificación se encuentra fuertemente influenciada en la primera etapa al ser *nrxAB* el complejo de genes que tiene la mayor abundancia, particularmente es mayor en aBss4 la abundancia a diferencia de los restantes. Por otra parte, tanto en aBss4 como aBss8/18 la abundancia de Gammaproteobacteria disminuye considerablemente hasta menos de un 10% en comparación con el Control cuya abundancia alcanza a más de 40%. Además, al igual que la ruta desnitrificadora en aBss8/18 vuelve a presentar una abundancia en Nitrospirae a comparación de los demás (Figura 34).

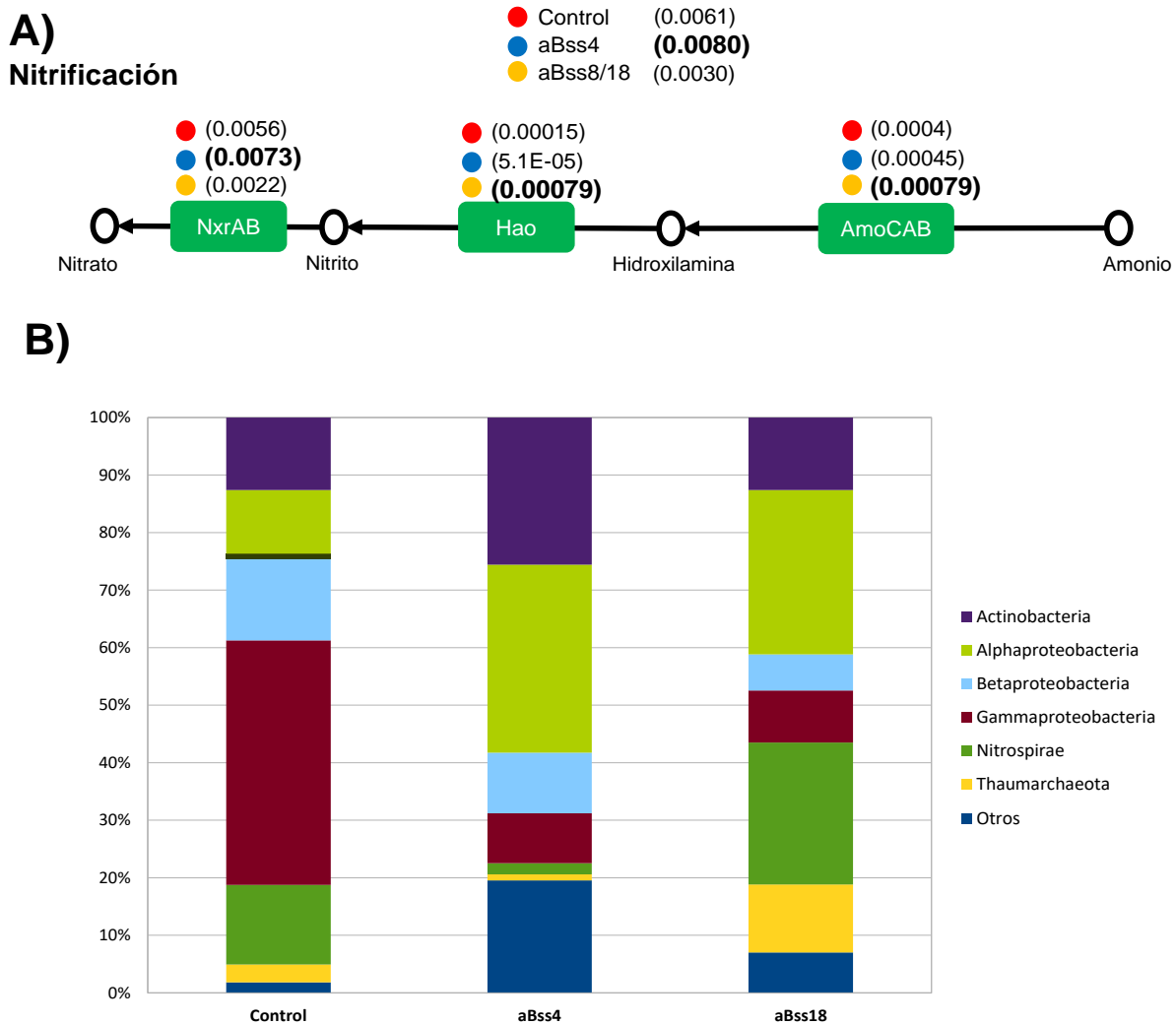


Figura 34. **Metabolismo del Nitrógeno- Nitrificación.**

El esquema del metabolismo del nitrógeno (Nitrificación) representa en A) el índice porcentual de copias génicas presentes en cada fase de la ruta por tratamiento Control (Rojo), aBss4 (Azul) y aBss8/18 (Naranja) y B) histograma que representa la taxonomía asignada con esas copias génicas de toda la ruta de nitrificación a nivel de filo por tratamiento.

6.2. Metabolismo del Azufre

El azufre es necesario para las plantas para construir moléculas orgánicas y es parte esencial de todas las proteínas, formación de clorofila y síntesis de vitaminas (Rico & Pérez, 2013). Por la numerosa variedad de compuestos presentes en la planta que contienen azufre y nitrógeno, existe una fuerte relación N/S que está asociada con el crecimiento y la producción de biomasa. Particularmente aminoácidos que están conformados por N y S como son la cistina, cisteína y metionina siendo la cisteína muy relacionada con el estado nutricional de la planta, además, actúa en la síntesis de importantes compuestos de defensa (glucosinolatos, GHS, fitoalexinas), (Malavolta, 2006).

Se detectaron un total de 60 genes involucrados en el metabolismo del azufre, tres rutas fueron de interés, la reducción de sulfato (*sat*, *PAPSS*, *CysND*, *cysH*, *cysJI*, *sir*, *cysC*); reducción y oxidación de sulfato (*sat*, *aprAB*) y el sistema SOX (*SoxAX*, *SoxB*, *SoxCD* y *SoxYZ*).

La ruta Reducción de sulfato muestra que el gen *cysC* es el más abundante en esta ruta superando el 80% del total de la ruta (Figura 35A). En la diversidad microbiana se ve claramente un aumento en Alphaproteobacterias y Nitrospirae a comparación del Control, mientras que en los filos actinobacteria y betaproteobacterias se logra apreciar una disminución (Figura 35B). La ruta REDOX de sulfato se observa que el gen *sat* es el más activo, sin embargo, se ve disminuido en los metagenomas aBss4 y aBss8/18 (Figura 36C), mientras que la diversidad microbiana en aBss8/18 no es tan diversa a comparación de Control y aBss4, las alphaproteobacterias son las más abundantes conformando más del 90% del total de la comunidad en esta ruta. De igual forma hay un aumento de este orden en aBss4 además de encontrar la presencia de Cyanobacterias (Figura 36D).

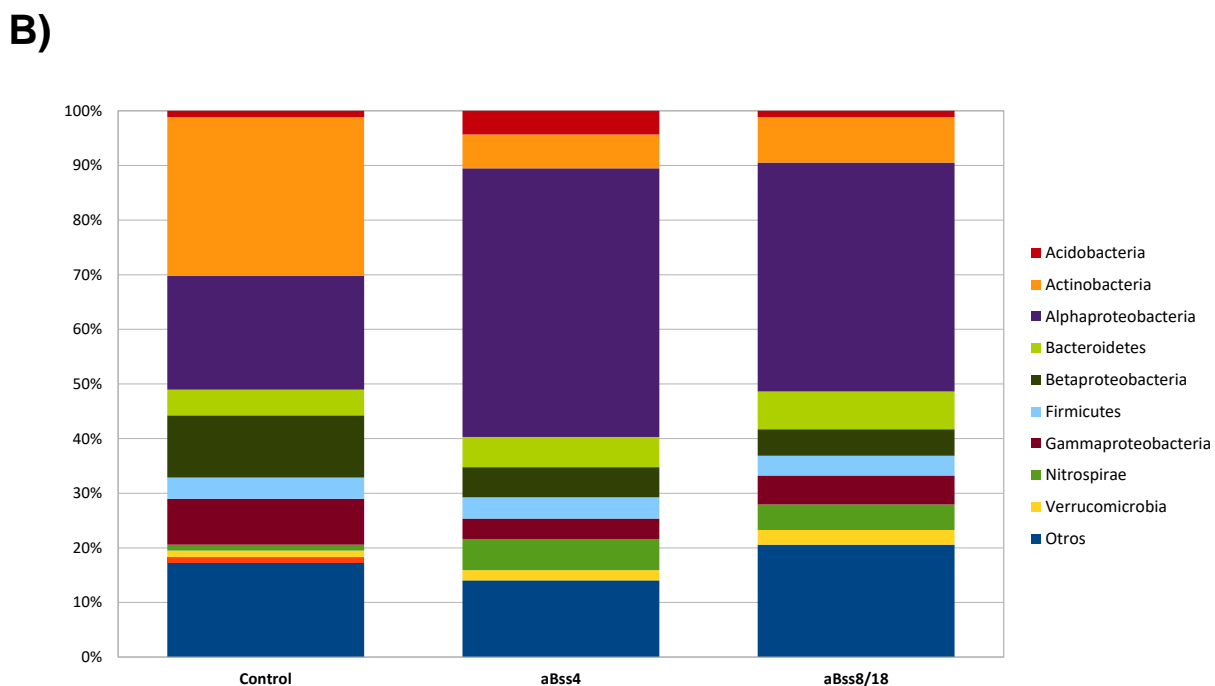
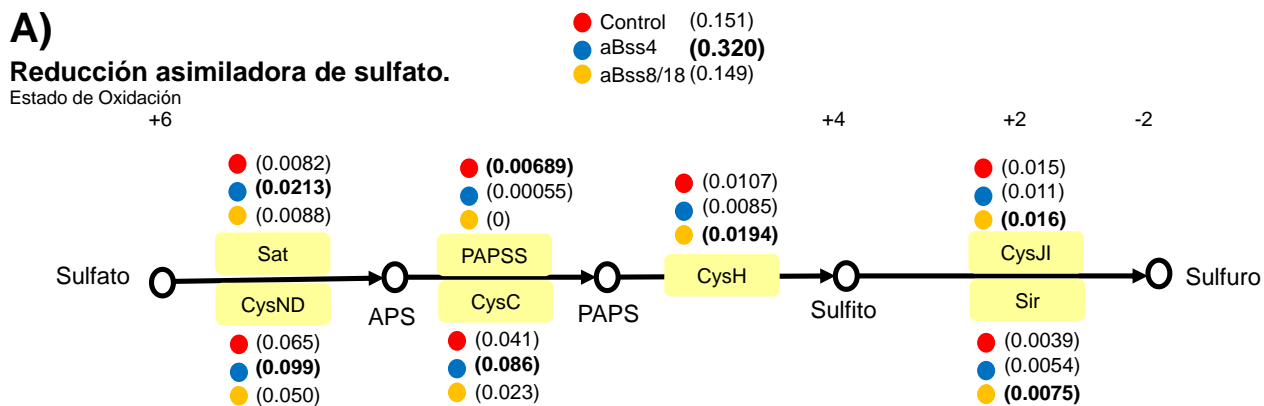
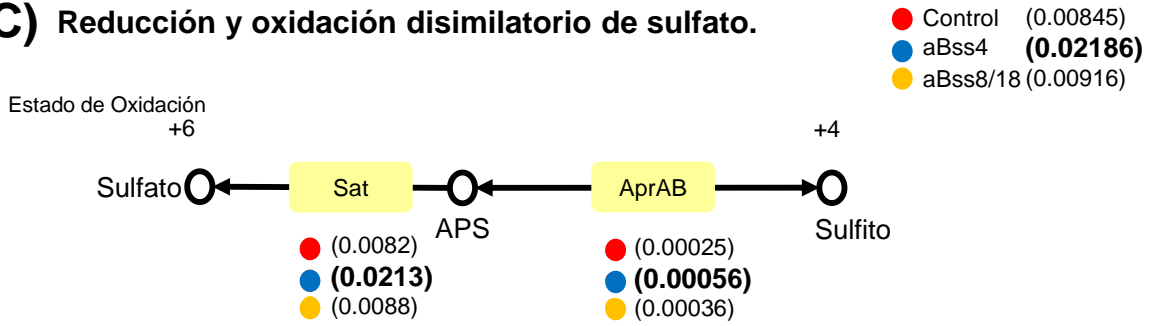


Figura 35. **Metabolismos de Azufre (S).**

El esquema del metabolismo del azufre representa en A) el índice porcentual de copias génicas presentes en cada fase de la ruta por tratamiento Control (Rojo), aBss4 (Azul) y aBss8/18 (Naranja) y B) histograma que representa la taxonomía asignada con esas copias génicas de toda la ruta a nivel de filo por tratamiento.

C) Reducción y oxidación disimilatorio de sulfato.



D)

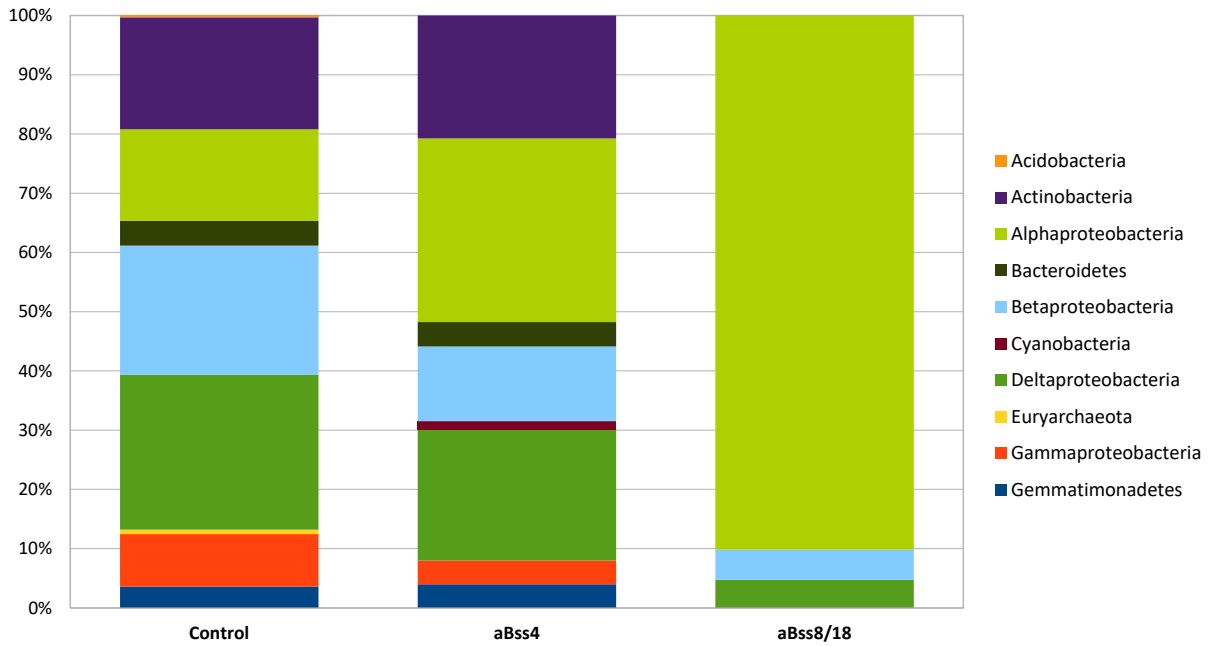


Figura 36. Reducción y Oxidación de sulfato.

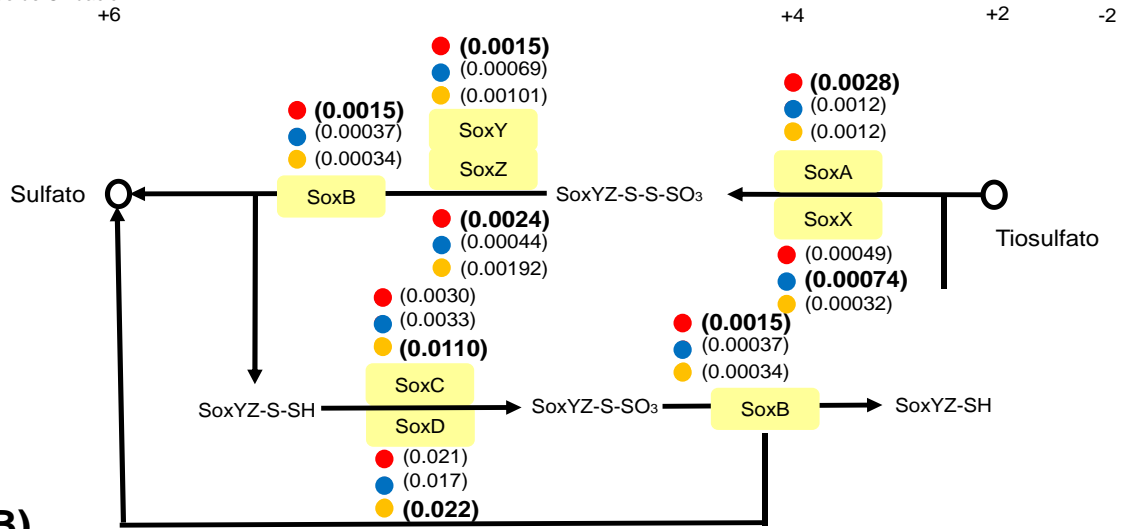
El esquema del metabolismo del azufre (reducción y oxidación) representa en A) el índice porcentual de copias génicas presentes en cada fase de la ruta por tratamiento Control (Rojo), aBss4 (Azul) y aBss8/18 (Naranja) y B) histograma que representa la taxonomía asignada con esas copias génicas de toda la ruta de reducción y oxidación de sulfato a nivel de filo por tratamiento.

En cuanto al sistema SOX, que tiene la habilidad de oxidar azufre inorgánico. Ciertas bacterias pueden oxidar estos compuestos inorgánicos y formar parte de la oxidación de azufre en la rizósfera (Masuda *et al.*, 2016). Se encontró que el complejo SoxCD es el más activo de toda la ruta ya que llega a superar el 80% en el sistema. SoxCD es un azufre deshidrogenasa que oxida sulfito depositándolos intra o extracelularmente (Figura 37A), la diversidad microbiana no se altera en gran modo, siendo que en aBss4 se encontró un aumento en el filo Nitrospirae y aBss8/18 un aumento en alphaproteobacterias (Figura 37B).

A) Sistema SOX.

Estado de Oxidación
+6

- Control (0.035)
- aBss4 (0.024)
- aBss8/18 (0.039)



B)

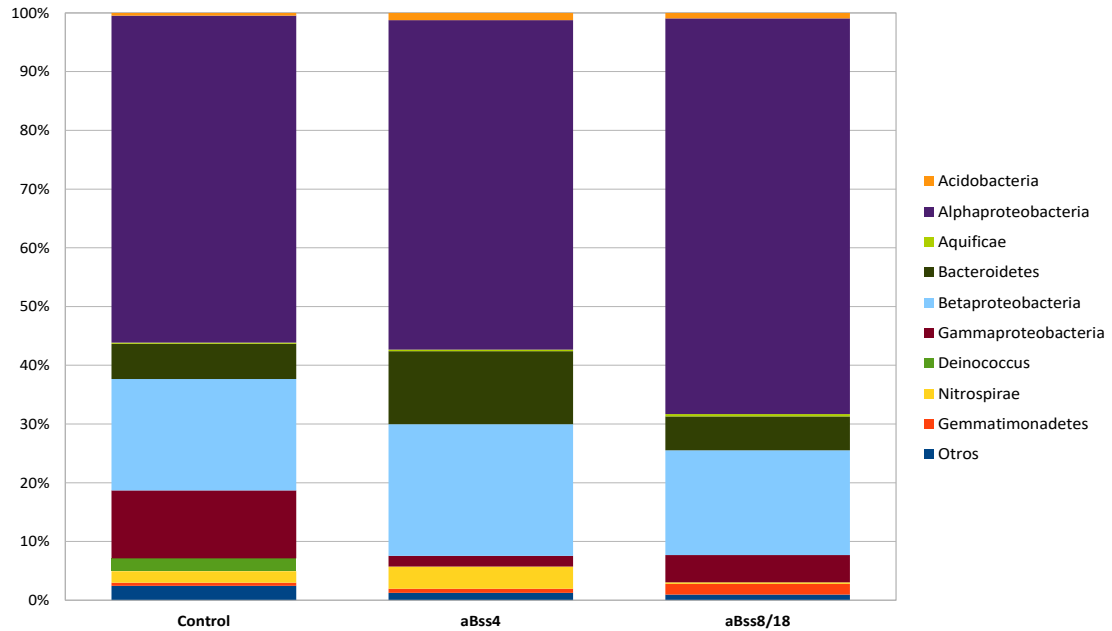


Figura 37. Metabolismo del Azufre- Sistema SOX.

El esquema del metabolismo del azufre (Sistema SOX) representa en A) el índice porcentual de copias génicas presentes en cada fase de la ruta por tratamiento Control (Rojo), aBss4 (Azul) y aBss8/18 (Naranja) y B) histograma que representa la taxonomía asignada con esas copias génicas de toda la ruta de sistema SOX a nivel de filo por tratamiento.

6.3. Metabolismo del Fósforo

El fósforo interviene en muchas de las reacciones que utilizan energía dentro de la célula ya que forma parte integral de las moléculas que acumulan energía como el adenosin trifosfato (ATP). Es de destacar el papel auxiliar que el fósforo inorgánico desempeña en la planta, al formar parte de los compuestos orgánicos en los distintos ciclos metabólicos y de muchas reacciones enzimáticas claves, es tanto un sustrato como un producto final. Además, ejerce una función control en los procesos de fotosíntesis y metabolismo de carbohidratos, así como interviene en la maduración de los frutos. La concentración de fósforo inorgánico en las plantas se halla condicionada por la reserva del suelo (Fernández, 2007).

Se optó por analizar la ruta Inositol Fosfato ya que, una de sus reacciones involucra enzimas fitasas la 4-fitasa (K01093) y 3- fitasa (K01083) las cuales son de gran interés en la industria, en especial porque ayuda a la nutrición de fósforo para el crecimiento de las plantas. (Rodríguez *et al.*, 2006).

La ruta fue dividida en tres partes para ilustrar qué zona se encuentra más activa (Figura 38). De las cuales la zona delimitada con borde amarillo es de particular interés por implicar las enzimas fitasas mencionadas anteriormente. En cuanto al índice en cada sección, la parte verde tiene un aumento del doble en ambos compuestos, cabe mencionar que en la sección amarilla (Figura 38) el mayor índice se encuentra en el control, mientras que la diversidad de microorganismos en aBss4 muestra un aumento en actinobacterias y una reducción de alphaproteobacterias, así mismo aBss8/18 tuvo un aumento en Deltaproteobacterias y una disminución en actinobacterias y alphaproteobacterias. Sin embargo, las enzimas fitasas la 4-fitasa (K01093) y 3- fitasa (K01083) se encuentran en una alta abundancia en el compuesto aBss8/18 en comparación del Control. En cuanto a la diversidad de microorganismos aBss4 muestra un aumento en actinobacterias y una reducción de alphaproteobacterias, así mismo aBss8/18 tuvo un aumento en Deltaproteobacterias y una disminución en actinobacterias y alphaproteobacterias. Así mismo al analizar la abundancia microbiana en esta enzima 3-fitasa (K01083) encontramos un alto aumento en el filo Deltaproteobacteria siendo

0,053320 % en aBss4 contra 0,00413 % del Control lo cual denota un claro aumento en la abundancia relativa y de igual manera el filo cianobacterias esta se encuentra en Control (0,00985%), aBss4 (0,01470%) y aBss8/18 (0,0277%) (Figura 40).

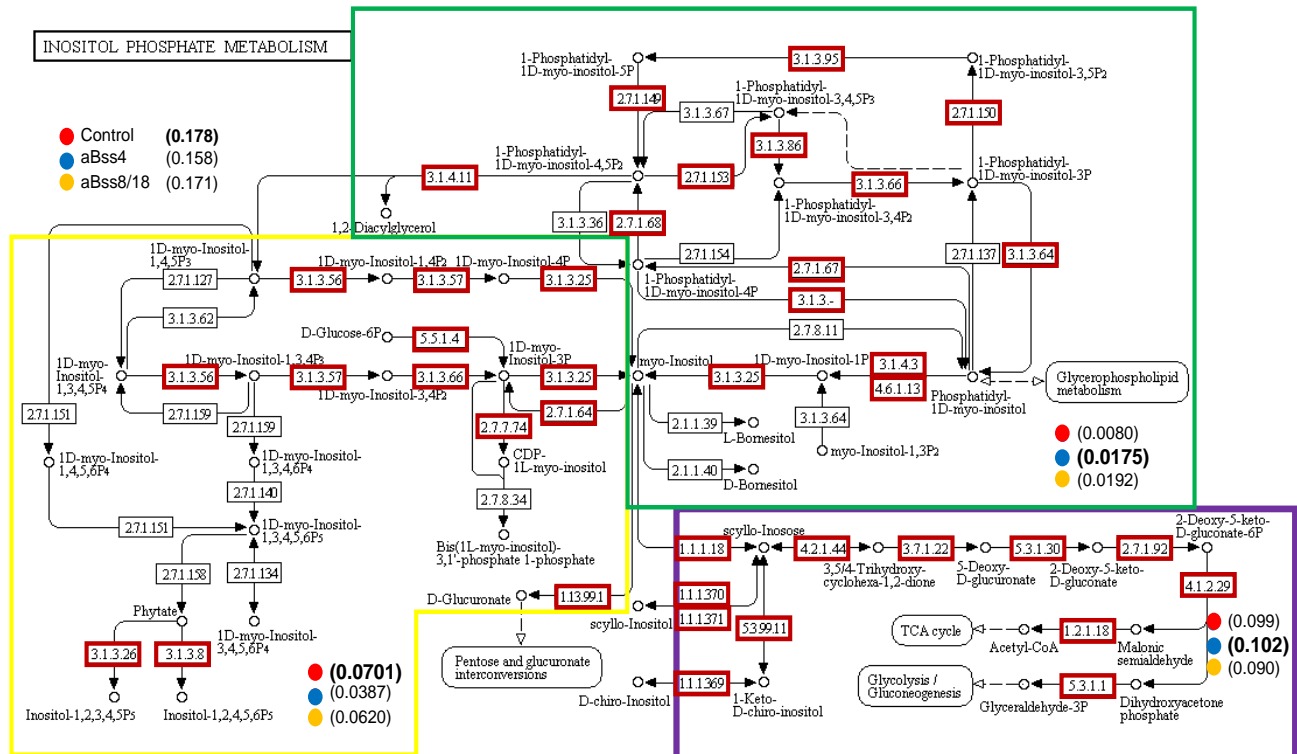


Figura 38. **Metabolismo Inositol-Fosfato.**

Ruta inositol-fosfato dividida en tres secciones (Morado, amarillo y verde) cada sección se encuentra con un índice porcentual de copias génicas del total asignado en KEGG al asignado a esta ruta, dicho índice se presenta con cada tratamiento Control (Rojo), aBss4 (azul) y aBss8/18 (naranja), imagen tomada y modificada de (Kanehisa et al., 2017).

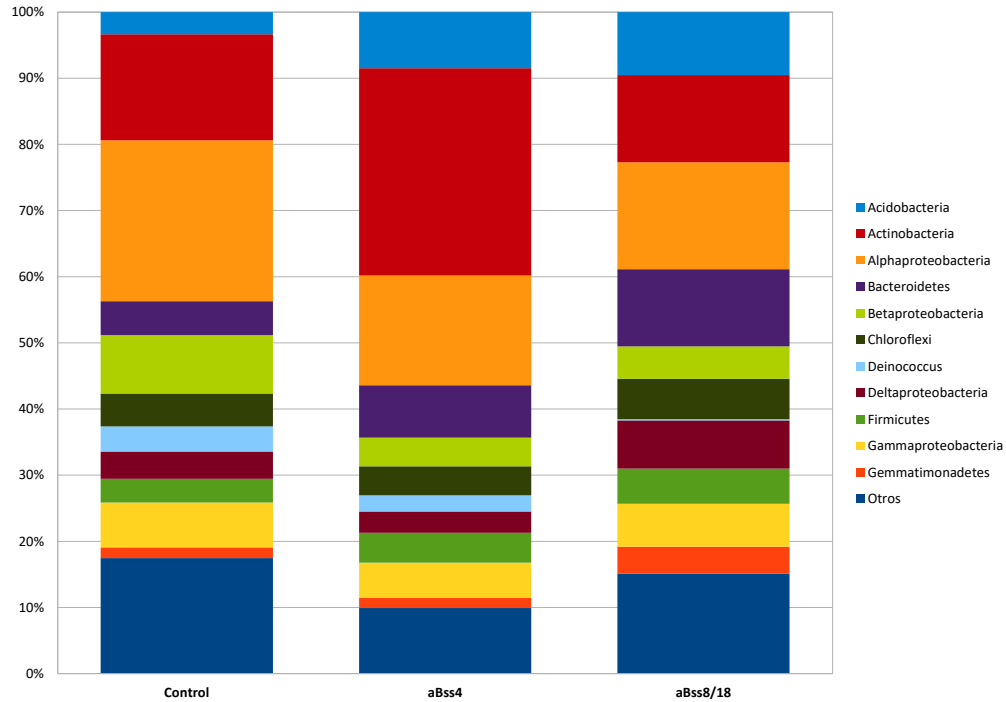


Figura 39. **Abundancia relativa a nivel de orden Inositol-Fosfato.**

El esquema del metabolismo del fosfato (inositol-fosfato) representa un histograma con la taxonomía asignada con todas las copias génicas de toda la ruta de inositol-fosfato de sulfato a nivel de filo por tratamiento.

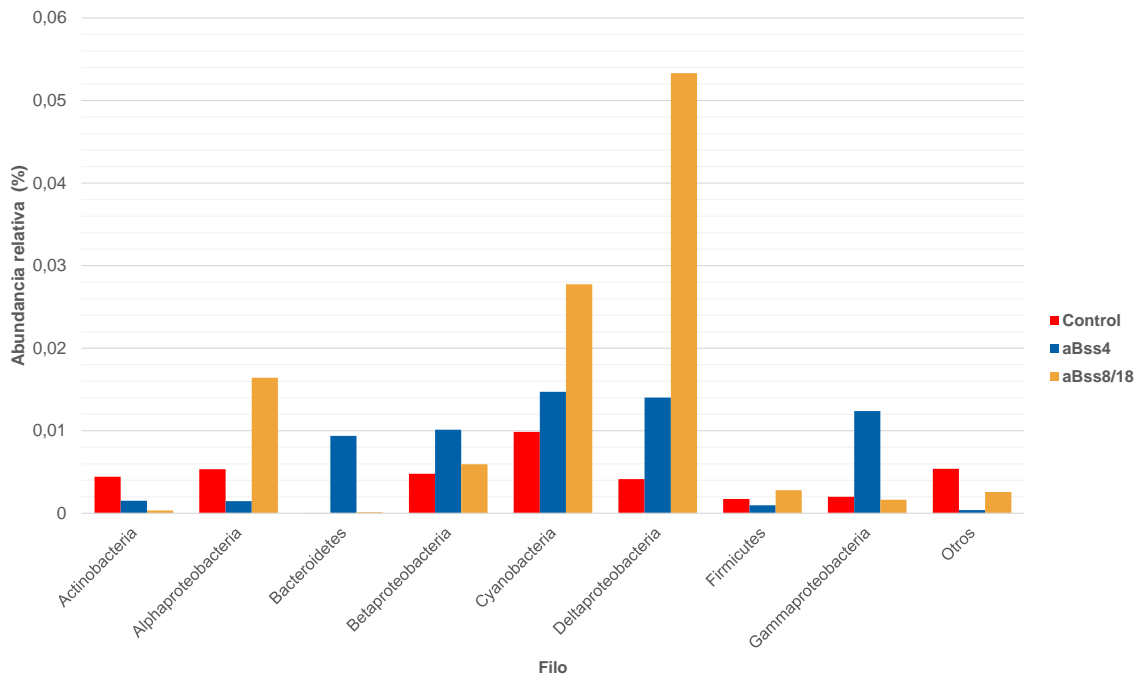


Figura 40. **Abundancia relativa a nivel de filo perteneciente a la enzima 3-fitasa (K01093).**

7. Detección de genes de potencial interés en la comunidad microbiana asociada a rizósfera de maíz

Considerando los trabajos de Tsurumaru y coautores (2015) y Pacchioni y colaboradores (2014), en donde describen rutas y genes importantes en estudios metagenómicos de suelo, se realizó la búsqueda de genes de potencial interés en los datos asignados a través de KEGG. Además, se consideró los genes con mayor significatividad (R_i) según la metodología basada en Steckel *et al.*, 2000. Se anotó, de todos estos genes, su abundancia relativa normalizada en comparación con el total de genes encontrados en los tres metagenomas. En total se clasificaron 49 genes en categorías metabólicas según la base de datos KEGG (Tabla 15).

Las categorías en las que se agrupan estos genes son ACC deaminasa, en donde la enzima desaminasa del ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico (ACC o ACC deaminasa) y genes codificantes para ácido indol acético (IAA) se encuentran en niveles bajos en la librería aBss4 y aBss8/18 en comparación con la librería Control; fijación de N_2 en donde no se detectó ningún gen asociado a la fijación de N_2 en el metagenoma aBss8/18 mientras que en el tratamiento aBss4 se observó un incremento en estos genes a diferencia del control, sin embargo, este último no se detectó el gen *nifH*; “Solubilización de Fosfato”, los genes codificantes para fitasas se ven incrementadas en aBss4 y aún más en aBss8/18. Virulencia y patogenicidad, en este caso los genes que tienen un aumento en comparación con el Control son *sdh1* tanto en la librería aBss4 y aBss8/18; Quimiotaxis y Quorum sensin, en donde, *pilG* únicamente se encuentra en mayor proporción en librería aBss8/18; Tolerancia a estrés, los genes *alg7* y *fdoG* se encuentra en una alta proporción únicamente en la librería aBss4 mientras que en la librería aBss8/18 estos genes se encuentran en menor proporción frente al control. La abundancia de todos estos genes fue graficada comparando con el Control (Figura 40).

Tabla 14. Detección y frecuencia relativa de genes en bacterias asociadas a rizósfera de maíz que favorecen la planta.

| | ID KEGG | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|---|---------|----------|------------|-------------|
| ACC deaminasa | K01505 | 0.00418 | 0.0014 | 0.0016 |
| IAA | | | | |
| <i>Triptófano-2-monooxigenasa (laaM)</i> | K00466 | 0.000431 | 4.6609E-05 | 7.02948E-05 |
| <i>Indol piruvato descarboxilasa (ipdC)</i> | K04103 | 0.000916 | 0.00036 | 0.000107 |
| Fijación de N2 | | | | |
| <i>nifH</i> | K02588 | 0 | 0.00010 | 0 |
| <i>nifD</i> | K02586* | 0.00049 | 0.0010 | 0 |
| <i>nifK</i> | K02591* | 0.00018 | 0.00079 | 0 |
| Solubilización de Fosfato | | | | |
| <i>GDH</i> | K04782 | 0.0015 | 0.00027 | 0.0014 |
| <i>3-fitasa</i> | K01083* | 0.033 | 0.064 | 0.11 |
| <i>4-fitasa</i> | K01093* | 0.0036 | 0.0028 | 0.017 |
| Supresión de enfermedades en plantas | | | | |
| <i>β-1,3- glucanase</i> | K01210 | 0.00049 | 0.00125 | 0 |
| <i>Quitinasa</i> | K01183* | 0.0042 | 0.0072 | 0.0052 |
| Metabolismo de nitrógeno | | | | |
| <i>glnA</i> | K01915* | 0.094 | 0.050 | 0.084 |
| <i>nirK</i> | K00368* | 0.012 | 0.0052 | 0.0066 |
| <i>nirB</i> | K00362* | 0.0092 | 0.02 | 0.011 |
| Resistencia a la acidez | | | | |
| <i>atpA</i> | K02111* | 0.044 | 0.050 | 0.040 |
| <i>aldB</i> | K00138* | 0.0033 | 0.021 | 0.0013 |
| <i>groEL</i> | K04077* | 0.043 | 0.038 | 0.085 |
| <i>pstS</i> | K02040* | 0.030 | 0.036 | 0.030 |
| Virulencia y patogenicidad | | | | |
| <i>katG</i> | K03782* | 0.023 | 0.022 | 0.037 |
| <i>aroG</i> | K01626* | 0.018 | 0.018 | 0.012 |
| <i>prfA</i> | K02835* | 0.034 | 0.019 | 0.012 |
| <i>sdh1</i> | K00234 | 0.00011 | 0.00140 | 0.002 |
| <i>ace1</i> | K01049 | 0.00025 | 0.00044 | 0.00017 |
| <i>fsr1</i> | K08223* | 0.0079 | 0.0062 | 0.0079 |
| <i>magB</i> | K01057* | 0.0086 | 0.0075 | 0.0097 |
| Quimiotaxis y Quorum sensing | | | | |
| <i>pilG</i> | K02657* | 0.0027 | 0.0042 | 0.15 |
| <i>pilH</i> | K02658* | 0.0058 | 0.0040 | 0.017 |
| <i>pilJ</i> | K02660* | 0.0044 | 0.0027 | 0.0046 |
| <i>ABC.PE.P</i> | K02033* | 0.15 | 1 | 0.22 |
| <i>ABC.PE.A</i> | K02031* | 0.049 | 0.26 | 0.053 |
| <i>gmr</i> | K14051* | 0.038 | 0.10 | 0.029 |
| <i>oppF</i> | K10823* | 0.017 | 0.14 | 0.069 |
| <i>cheR</i> | K00575* | 0.018 | 0.013 | 0.12 |
| Sistemas de secreción | | | | |
| <i>VirB11</i> | K03196 | 0.00072 | 0.001 | 0.0011 |
| <i>cpaF</i> | K02283* | 0.055 | 0.024 | 0.048 |
| <i>virB4</i> | K03199* | 0.0018 | 0.0037 | 0.0021 |
| <i>escV</i> | K03230 | 0.00031 | 0.00098 | 0.001 |
| <i>flil</i> | K02412* | 0.0064 | 0.0051 | 0.0024 |
| Tolerancia a estrés | | | | |
| <i>alg7</i> | K01001* | 0.00027 | 0.44 | 0.00011 |
| <i>fdoG</i> | K00123* | 0.034 | 0.45 | 0.034 |
| <i>Serine/threonine kinase</i> | K08884* | 0.019 | 0.019 | 0.12 |
| OTROS GENES | | | | |
| <i>fadD/ACSL</i> | K01897* | 0.13 | 0.11 | 0.13 |
| <i>ispD</i> | K00991* | 0.009 | 0.2 | 0.004 |
| <i>rpiB</i> | K01808* | 0.026 | 0.094 | 0.007 |
| <i>barA</i> | K07678* | 0.034 | 0.023 | 0.14 |
| <i>accC</i> | K01961* | 0.043 | 0.045 | 0.12 |
| <i>pgaA</i> | K11935* | 0.00014 | 0.00043 | 0.29 |
| <i>hydH</i> | K07709* | 0.021 | 0.021 | 0.099 |
| <i>metH</i> | K00548* | 0.052 | 0.054 | 0.09 |

*Abundancia relativa significativamente distinta entre tratamientos (Stekel, *et al.*, 2000).

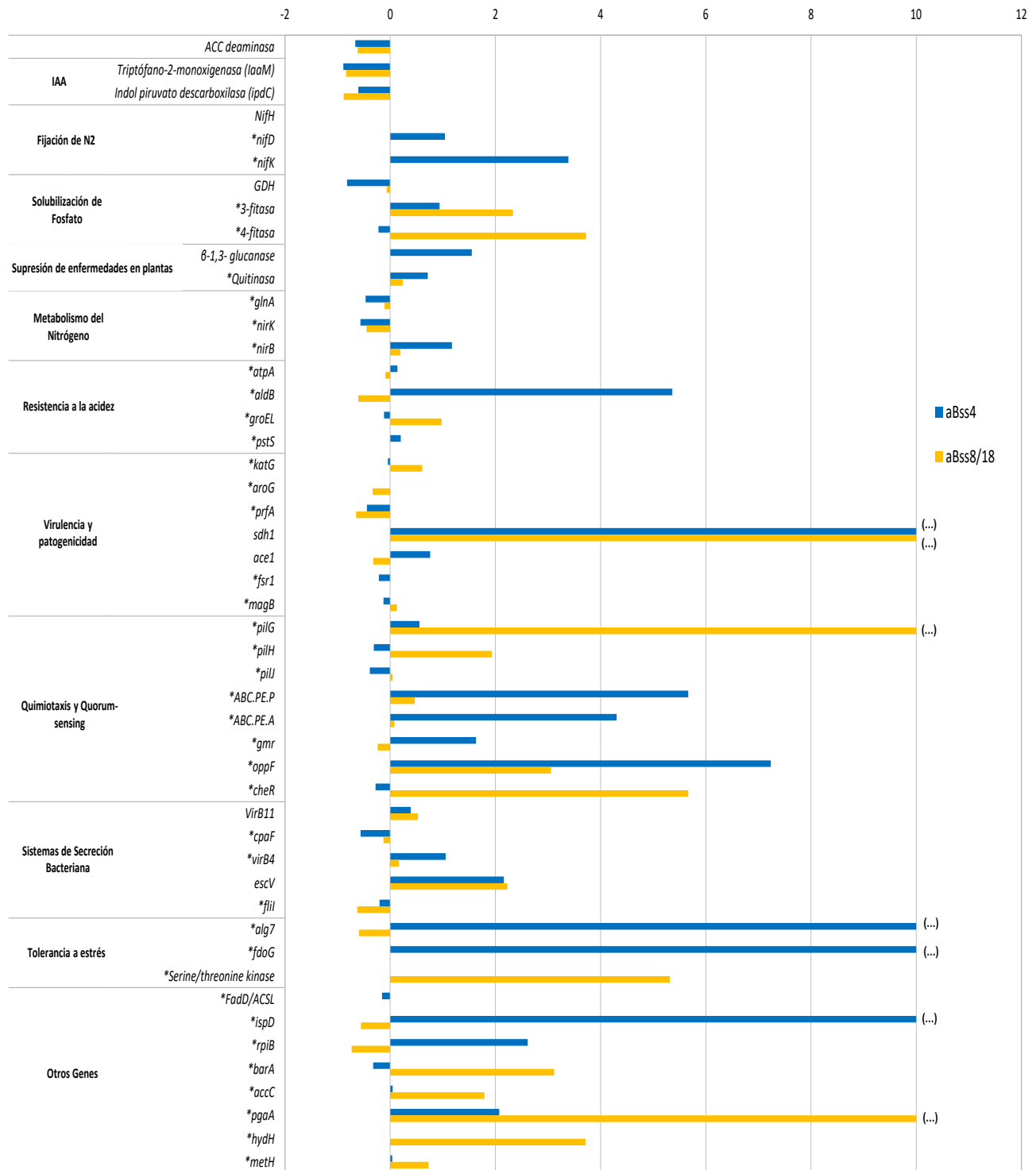


Figura 41. Comparación en la abundancia de genes relevantes en categorías de interés en los metagenomas (aBss4 y aBss8/18) contra el Control.

(*) Abundancia relativa significativamente distinta entre tratamientos (Stekel, et al., 2000).

Se compararon las librerías Control, aBss4 y aBss8/18 mediante el método bray (Figura 41) y se descubrió que la estructura microbiana de los metagenomas Control y aBss4 son más parecidas entre sí que con aBss8/18 (Figura 41^a), mientras que analizando la diversidad y abundancia de genes en COG (Figura 41b) y KEGG (Figura 41c) son más similares Control y aBss8/18 entre sí que con la muestra aBss4.

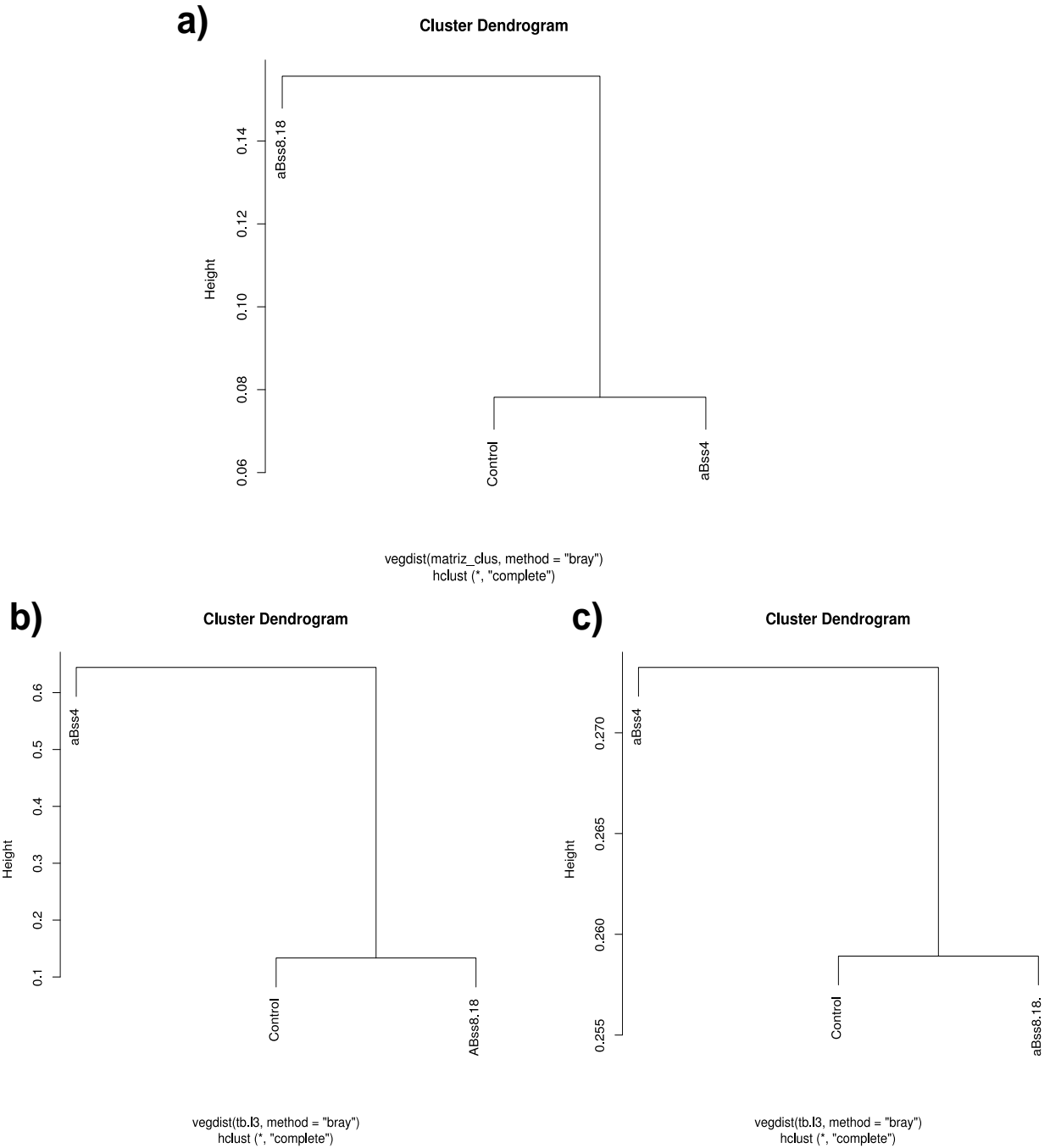


Figura 42. **Comparación de muestras utilizando el método bray.**

Se generaron dendogramas diferentes para comparar qué tan similares eran las muestras entre sí, a) corresponde a una comparación en la diversidad y abundancia microbiana de datos normalizados y filtrados entre los tratamientos; b) muestra la similitud en la diversidad y abundancia de genes asignados en COG y c) similitud en diversidad y abundancia de genes asignados en KEGG entre los tratamientos.

VII. DISCUSIÓN

Dada la gran cantidad de información generada y considerando que no existe una estrategia única para evaluar dicha información, en este trabajo se evaluaron programas de análisis de la información seleccionando aquel que permitiera obtener una mayor fidelidad y calidad de análisis. Al obtener los datos de BLAST se decidió aplicar un filtro y posteriormente una normalización, la razón de aplicar una normalización a los datos es que, al existir una enorme diversidad microbiana en el suelo el tamaño genómico varia de igual forma, así pues, genomas muy grandes (12Mb) tienen mayor probabilidad de ser secuenciados y por tanto obtener un mayor número de lecturas en cambio, genomas pequeños (3Mb) tienen menor probabilidad de ser secuenciado obteniendo menor número de lecturas. Es por esta razón que se decidió aplicar la normalización (descrita en la metodología 2.2.5) y así ajustar nuestros datos. Las abundancias relativas a nivel de género *Anaerostipes* y *Brevudimonas* son los taxones más abundantes en las tres librerías, seguidos de *Anaeromyxobater*, *Bradyrhizobium*, *Burkholderia*, *Escherichia*, *Metilobacterium*, *Mycobacterium*, *Pseudomonas*, *Pseudoxanthomonas*, *Rhizobium*, *Ramlibacter*, *Sphingomonas* y *Streptomyces*; sin embargo, al realizar el comparativo entre muestras después de llevar acabo el análisis estadístico basados en Stekel *et al*, 2000, no hay diferencias significativas en las abundancias relativas de los taxones *Anaerostipes* y *Brevudimonas*, pero hay una gran diferencia en cuanto al taxón *Acinetobacter* mientras que el mapa de abundancia relativa se contemplaba al Control y tratamiento aBss4 una abundancia del género menor al 1% en la librería aBss8/18 se encontraba entre 1-5% (Figura 20). Lo cual sugiere que los compuestos estimulan la propagación de este taxón el cual es considerado un promotor de crecimiento vegetal encontrado en la rizósfera e incluso los taxones más abundantes presentes en las librerías como *Burkholderia*, *Rhizobium*, *Acinetobacter* tienen un rol muy importante en la solubilización de fosfato (Rokhbakhsh, 2011; Rodríguez, 1999).

El índice Simpson es importante pues cuanto más cercano a 1 este indica que no hay diversidad en la muestra lo cual ocurre en las curvas DSF mientras que DFN se encuentra más alejada del valor 1. Hay que tomar en cuenta que al tener un gran número de secuencias en determinados taxones en los datos no filtrados no necesariamente indican que ese taxón se encuentre en abundancia si bien el tamaño del genoma puede ser muy grande a comparación del taxón con una cantidad menor de abundancia el cual puede tener un genoma relativamente pequeño.

Al establecer la distribución de la comunidad bacteriana se observa que el comportamiento es similar en cuanto a microorganismos de suelo se refiere los estudios de Auslabie (2013) expone que los filos más abundantes son Proteobacteria siendo el filo que puede representas una mayor abundancia de acuerdo con los trabajos de Roesch (2007), Spain (2009) y Schmeisser (2003), acidobacteria y actinobacteria, aunque en proporción diferente al depender esto de las condiciones fisicoquímicas del suelo. En cambio, Li (2014), Correa (2016) y Bakker (2015) han reportado que los grupos más abundantes son Proteobacterias, Bacteroidetes y Actinobacterias, mientras los filos Verrucomicrobia, Bacteroidetes, Firmicutes y Chloroflexi siempre van a estar presente en suelo, pero en abundancias bajas a comparación de los primeros. Los datos de nuestro estudio son mejor representados según lo descrito por Li (2014), Correa (2016) y Bakker (2015) ya que el filo acidobacteria no se encuentra con una abundancia muy alta y porque el filo Bacteroidetes lo supera. En nuestro caso Firmicutes se encuentra en una alta abundancia (Tabla 11- Anexo 5).

Con Metaphlan2 se deseaba visualizar mediante cladogramas la diversidad bacteriana donde se puede observar que en las librerías aBss4 y aBss8/18 (Figura 24 y 25 respectivamente) hay un incremento en el orden Enterobacteriales y desulfuromanales. En aBss4 se aprecia que el orden Nitrosomonadales disminuye a comparación de los demás, por otra parte, se ha investigado que este taxón lo constituyen bacterias oxidantes de amonio lo cual sugeriría alguna alteración o disminución en la ruta de amonificación (Pajares, 2016)

El análisis estadístico descrito por Stekel y Falciani (2000) se aplicó a los datos por varias razones, permite realizar comparaciones de genes en cualquier número de librerías en

un solo estadístico e identificar diferencias significativas, además, este método resuelve el problema derivado de falsos positivos asociados a los repetitivos métodos aplicados a los cientos de genes. Al utilizar este análisis a los 632 taxones filtrados y normalizados se obtuvieron 53 taxones significativos (Figura 27) donde *Acetobacter pittii* muestra un enorme cambio siendo seis veces mayor en aBss8/18 contra el Control, *Chryseobacterium gleum* muestra un aumento en la librería aBss4 casi cuatro veces mayor frente al control. En cuanto a los datos que son inferiores al control destacan *Pseudomonas montei* siendo un 75% menor en el tratamiento aBss8/18, *Nitrosospora multififormis* y *Nocardioide* sp. JS614 es 50% menor contra la librería Control y corresponden a los tratamientos aBss8/18 y aBss4 respectivamente. También cabe destacar los taxones 45-50 (Figura 27) que corresponden a los géneros *Sphingobium* y *Sphingomonas* disminuyen en la librería aBss4 mientras que con aBss8/18 aumentan. Al comparar el resultado del método propuesto por Stekel y colaboradores 2000 con los datos de diversidad general obtenida en BLAST, donde los géneros *Anaerostipes*, *Brevundimonas*, *Anaeromyxobacter*, *Bradyrhizobium*, *Burkholderia*, *Methylobacterium*, *Mycobacterium*, *Pseudomonas*, *Pseudoxanthomonas*, *Ramlibacter*, *Sphingobium*, *Sphingomonas*, *Sphingopyxis* y *Streptomyces* son los más abundantes en las librerías, de los cuales, solo los géneros *Anaeromyxobacter*, *Burkholderia*, *Methylobacterium* y *Sphingopyxis* resultan no tener una diferencia significativa por el método Stekel, es decir las abundancias relativas entre las muestras no se encuentra significativamente diferente, aun así a pesar de que los géneros *Anaerostipes* y *Brevundimonas* son los géneros más abundantes en las muestras y que estadísticamente con el método propuesto por Stekel resultan tener diferencias significativas, no tienen una diferencia muy marcada contra el Control como otros taxones por ejemplo, el análisis Stekel muestra que el taxón *Acinetobacter pittii* es el que muestra una mayor diferencia entre muestras (Figura 28), el taxón *Acinetobacter* (Figura 20) muestra abundancias entre 0.53-.87 % en Control y aBss4 mientras que en aBss8/18 muestra una abundancia entre 0.9-4.99% al observar la abundancia sabemos que es más abundante mas no cuantas veces es abundante esto muestra una gran utilidad del análisis Stekel para observar diferencias y poder mostrarlas. Por otro lado, tomando el taxón *Pseudomonas montei* muestra el valor más bajo contra el control (Figura 28) de la misma forma, en la figura 19 el género se observa uniforme

respecto a abundancias entre las librerías, pero no se aprecia cuanto varía una muestra con otra.

Al momento de evaluar el ensamblaje de los metagenomas los resultados obtenidos mediante Ray presentaban una baja cantidad de Contigs se fue evaluando a diferentes k-mer para encontrar el mejor resultado en cuanto a número y longitud de contig, sin embargo, solo con MEGAHIT fue posible obtener buenos resultados más de 300,000 contigs para el metagenoma Control una vez evaluado los diferentes k-mer y longitudes se prosiguió con a ensamblar los metagenomas faltantes. El programa Shotmap contruyó a partir de los contigs ensamblados ORFs, a partir de esto le asignó a los ORFs con mayor puntaje una familia de genes utilizando la base de datos COG (Clusters of Orthologous Groups). Obtuvimos un mayor número de genes en el metagenoma Control, sin embargo, esto es normal y tiene sentido puesto que, desde un principio nuestra librería Control tenía un mayor número de lecturas por lo tanto obtuvimos mayor número de contigs, al final era entendible obtener una mayor cantidad de genes en la muestra. Estos resultados dieron pauta a realizar una normalización entre el número de lecturas que se empalmaban con los contigs y la longitud del ORF para ajustar los datos. Los datos muestran una gran abundancia en las categorías Función General [R] y Función Desconocida [S] lo cual podríamos inferir que hay una gran cantidad de genes aun no descubiertos o que son de función desconocida hasta el momento algo particular es que, en el metagenoma aBss4 más del 60% de las familias de genes se encuentran en la categoría desconocido lo cual supera con creces a Control con 16.09 % y aBss8/18 con más de 4%. A este conjunto de datos también se realizó un análisis basado en la metodología descrita por Stekel *et al.*, 2000 dando las categorías Aminoácidos [E], Transducción de señales [T], Mecanismos de defensa [V] y Transcripción [K] como valores significativos (Figura 29). Cabe destacar que en cuanto a la abundancia en estas cuatro categorías aBss8/18 se encuentra en mayor proporción contra aBss4, Transducción de señales en aBss8/18 cuenta con una abundancia de más de 9% mientras que aBss4 apenas llega a 3%. Una categoría de particular interés, Mecanismos

de Defensa [V] tiene una abundancia mayor en aBss8/18 casi del doble contra el control y más de cuatro veces mayor la abundancia contra aBss4.

Ya que estos datos aún eran generales, puesto que solamente se identificaron cuáles eran las categorías y su abundancia con la base de datos COG. Los archivos de Shotmap que contienen los ORFs fueron cargados en la plataforma de KEGG y utilizando la herramienta GhostKOALA se comparó cada ORF con las bases de datos y se le asignó un número KO (KEGG Orthology) el cual es una base de datos que se encuentra asociada con grupos ortólogos con el fin de permitir al servidor clasificar cada gen en alguna ruta metabólica, así como el origen y naturaleza de la enzima. Al ser muy extensa la base de datos de KO y su organización en las categorías Metabolismo, Procesamiento de información Genética, Procesamiento de información ambiental, Procesos celulares, Sistema del organismo, Enfermedades humanas y No clasificado, se optó por elegir subcategorías en su mayoría de Metabolismo (Metabolismo de Carbohidratos [09101], energía [09102], metabolismo de lípidos [09103], de nucleótidos [09104], aminoácidos [09105], metabolismo de terpenoides y policétidos [09109], Biosíntesis de metabolitos secundarios [09110] y Biodegradación de xenobióticos [09111]) así como otras rutas de interés Quorum Sensing [02024], Interacción planta-patógeno [04626], Sistema de secreción bacteriana [03070], todas estas rutas son de interés puesto que en estas categorías se encuentran rutas de fijación mineral de nutrientes para la planta como Nitrógeno, Azufre y Fosforo (Figura 30).

En el histograma generado (Figura 30) se compara la diversidad taxonómica a nivel de filo, de las categorías antes mencionadas y por metagenomas. La diversidad microbiana claramente es afectada por los compuestos aBss4 y aBss8/18, las rutas carbono, lípidos y Quorum sensing hay notables diferencias en el filo Firmicutes por parte de aBss4 frente a los metagenomas restantes, filos "raros" o poco comunes también se hacen presentes tal es el caso de Dictyoglomi en la librería aBss4 tanto en la ruta de Carbohidratos [09101], y energía [09102], por otro lado tenemos al filo Chlorofexi muy abundante en aBss4 en la Quorum sensing Ahora bien, aBss8/18 presenta un particular abundancia en Saccaribacteria de 10% ante diminutas abundancias menores al 1% en los metagenomas restantes en la ruta de secreción bacteriana. Evaluando el incremento en la diversidad,

las rutas de metabolismo de nucleótidos, interacción planta-patógeno, terpenoides hay varios incrementos en deltaproteobacterias, para nucleótidos, terpenoides presenta un aumento dos veces mayor en la librería aBss4 en comparación al Control. El filo Gammaproteobacterias en la categoría interacción-planta patógeno ocupa más del 60% de la abundancia y solamente cuatro filos componen esta categoría y el grupo minoritario conformado por filos cuya abundancia no supera el 5% se encuentra apenas de 20% como “otros” encontrando mayor diversidad en aBss4.

Retomando el objeto de estudio, se deseaba evaluar los compuestos aBss4 y aBss8/18 en cómo afecta la diversidad microbiana de plantas de maíz criollo. El interés de analizar la composición microbiana es encontrar diferencias entre las muestras y encontrar si el efecto de los compuestos aBss4 y aBss8/18 estimulan alguna ruta de interés o bien ayuda a la asimilación de nutrientes a la planta. Por estas razones se buscaron las rutas metabólicas nutricionales que se vinculan con otras vías y procesos biológicos de importancia y además de reciente interés en las ciencias “ómicas” como lo describen Naoko y Jun 2010. Los elementos N, S y P son los más importantes y que tienen mayor impacto por la cantidad de rutas metabólicas que afectan o influyen de mayor forma a la planta.

El metabolismo del nitrógeno fue de vital interés por los nutrientes que le confiere, así como la cantidad de compuestos que necesitan nitrógeno. Al evaluar diversas rutas del metabolismo del nitrógeno fue de peculiar interés observar que la fijación de nitrógeno (Figura 31) solamente se encontraba completa (*nifD*, *nifH*, *nifK*) en el metagenoma aBss4, además, la ruta de amonificación no se encontraba activa en ninguna muestra. Al evaluar la diversidad microbiana en el metabolismo del nitrógeno evaluado encontramos un aumento en actinobacterias y alfa proteobacterias. La fijación de nitrógeno en nuestros datos se encuentra incompleta en Control ya que no se encuentra *nifH* por otro lado la diversidad es muy diferente en cuanto a aBss4 se refiere el género más abundante en esta ruta es *Klebsiella* al analizar más detenidamente en KEGG lo cual es interesante pues se encuentra *K. pneumoniae*, *K. variicola* y *K. oxytoca* las cuales pueden tener este gen y comparando estos datos con la diversidad bacteriana efectivamente encontramos las tres especies y su abundancia es mayor en aBss4 en comparación con las otras y

diversos estudios han demostrado que estas especies llevan a cabo fijación de nitrógeno (Masepohl y Kranz, 2009; Temme y Voigt, 2012; Chen *et al.*, 2016); sin embargo, esto solamente podría ser comprobado aislando estas bacterias y realizar experimentos para asegurarse que está realizando fijación de nitrógeno. La ruta de nitrificación aBss4 tiene una mayor actividad como muestra la Figura 34A en cuanto a la diversidad, aBss8/18 muestra un considerable incremento en Notrospirae y alfaproteobacteria.

El azufre es un nutriente que la planta necesita para realizar múltiples procesos y este nutriente está disponible para la planta gracias a las bacterias y micorrizas. Muchas bacterias presentes en el suelo son capaces de mineralizar el azufre de sulfatos. Por esa razón el interés de las rutas reducción de sulfato, reducción/oxidación de sulfato y sistema SOX. La asimilación de sulfato en la Figura 35A se ve fuertemente influenciada (en nuestros datos) en el gen *cysC* que corresponde a una kinasa que cataliza la formación de sulfito, así mismo en la figura 36A el gen *soxD* es el más activo dentro del sistema SOX. Su índice en aBss4 se encuentra dos veces mayor que el Control. Hay que destacar que este gen codifica para el citocromo C, proteína envuelta en una enorme cantidad de procesos, por decir algunas rutas metabólicas, Resistencias a metales pesados, rutas de señalización, entre otras.

En cuanto al metabolismo del fósforo las enzimas 3.1.3.26 y 3.1.3.8 (Figura 38) corresponden a fitasas, las cuales degradan ácido fítico el cual es el mayor constituyente del fósforo orgánico en el suelo. Diversos microorganismos son capaces de degradar ácido fítico y hacerlo biodisponible para la planta. Singh y Rai (2016) sugieren que las cianobacterias aumentan la biodisponibilidad del fósforo hacia las plantas solubilizándolo y movilizándolo el fósforo orgánico presente en el suelo con ayuda de enzimas. Al analizar este gen podemos observar un aumento en la 3-fitasa (K01083) y 4-fitasa (K01093) significativo Tabla 16, siendo la abundancia de la 3-fitasa (0.064%) dos veces mayor en aBss4 y más de tres veces en aBss8/18 (0.11%) en comparación del control (0.033%). Así mismo, la 4-fitasa se encuentra casi 5 veces más abundante en aBss8/18 (0.017%) que en el control (0.0036%). Lo que nos sugiere un efecto positivo de los promotores del crecimiento vegetal aplicados sobre las plantas de maíz al favorecer la solubilidad del fósforo. Retomando a la abundancia de cianobacterias presentes en la diversidad de la

enzima 3-fitasa (K01083) esta se encuentra en Control (0,00985 %), aBss4 (0,01470 %) y aBss8/18 (0,0277 %) (Anexo 10), lo cual sugiere que hay un aumento en la abundancia de esta enzima en este filo. Así mismo al analizar la abundancia microbiana en esta enzima encontramos un alto aumento en el filo Deltaproteobacteria siendo 0,053320 % en aBss4 contra 0,00413 % del Control lo cual denota un claro aumento en la abundancia relativa. Esto sugiere que el aumento en cianobacterias y Deltaproteobacterias puede deberse a los compuestos utilizados en la investigación, esto podría comprobarse mediante posteriores análisis metatranscriptómicos para cuantificar los niveles de estos genes y comprobar que se encuentran activos y con diferencia significativa.

Los genes potenciales muestran resultados interesantes, por ejemplo, la 1,3-glucanasa es una enzima que constituye e induce la defensa en plantas contra hongos fitopatógenos (Beffa y Thomas, 1996). Este gen no es detectado en el metagenoma aBss8/18 pero sí en los otros, aBss4 (0.00125%) tiene una abundancia más de dos veces el control (0.00049%) lo cual podríamos deducir que el microbioma del suelo contiene más organismos que producen glucanasa y por tanto beneficiaría a la planta al protegerla ante una infección de diversos fitopatógenos. Así mismo la enzima quitinasa también es una enzima implicada en la supresión de enfermedades en la planta y se encuentra en una abundancia mayor en aBss4 que en el Control, por otra parte, KO que se encuentran en la categoría Quorum sensing encontramos dos genes (K02033 Y K02031) que se encuentran en alta abundancia en aBss4, particularmente estos genes forman parte de un sistema de transporte de níquel, que a su vez este elemento es un cofactor de diversas proteínas así como forma parte en la biosíntesis de diversos compuestos. Estos genes se encuentran en 1% y 0.26% en aBss4 mientras que Control estos genes se encuentran en 0.15% y 0.049%, por otro lado, aBss8/18 no se encuentran diferencias grandes pues se encuentran en una abundancia de 0.22% y 0.053% (Eitinger, *et al.*, 2000).

VIII. Conclusiones

A lo largo de la presente investigación se determinó que los promotores de crecimiento vegetal aBss4 y aBss8/18 tienen un efecto en los microorganismos del suelo asociado a rizósfera de plantas de maíz.

- Las herramientas empleadas en la estrategia planteada en este trabajo han permitido determinar cambios en la estructura de la diversidad microbiana del suelo asociado a la rizósfera de plantas de maíz, siendo mayor o menor en el suelo asociado a la rizósfera de plantas tratadas con el compuesto aBss4 y mayor en el suelo asociado a la rizósfera de plantas tratadas con el compuesto aBss8/18.
- La abundancia relativa mostró diferencias significativas a nivel de familia y género, siendo la más abundante las familias Caulobacteraceae y Sphingomonaceae, así como los géneros *Anaerostipes* y *Brevundimonas*.
- Al comparar la diversidad y abundancia en los genes involucrados en las rutas analizadas en esta investigación se apreció una abundancia significativa mayor por parte de las librerías aBss4 y aBss8/18 en genes de importancia que ayudan a la planta a absorber nutrientes tales como fitasas para la absorción de fosfato, genes *nif* para fijación de nitrógeno.
- El PCV aBss4 permite la proliferación de microorganismos con genes codificantes para las rutas del metabolismo del nitrógeno y solubilización de fosfato, mientras que en el suelo de las plantas que recibieron el tratamiento con el compuesto aBss8/18 se encontraron genes asociados a la solubilización de fosfato como los codificantes para las enzimas 3-fitasa y 4-fitasa, que favorecen la biodisponibilidad del fosfato hacia la planta Singh y Rai (2016).
- El PCV aBss4 permite la proliferación de microorganismos con genes codificantes que intervienen en la supresión de enfermedades en las plantas, así como tolerancia a estrés abiótico.
- En las plantas tratadas con el PCV aBss4 los genes relacionados a Quorum Sensing presentan una abundancia mayor en comparación de las otras muestras

siendo los filos Firmicutes y Chloroflexi los mayormente representados en dicha categoría.

La secuenciación masiva de DNA fue esencial para esclarecer el efecto que tienen los PCV en esta investigación, siendo un efecto positivo para la planta al modificar la diversidad microbiana del suelo, aumentando la biodisponibilidad de nutrientes así como conferir protección ante enfermedades, para comprobar que estas funciones se encuentran activas es necesario utilizar otra clase de análisis que incluyen a la metatranscriptómica, que nos permitirá puntualizar qué rutas metabólicas se encuentran altamente activas cuando los PCV son utilizados y así obtener un mejor conocimiento de la microbiota de suelo rizosférico y el efecto de los PCV sobre ella.

Bibliografía

- Aislabie, J., Deslippe, J. R., & Dymond, J. (2013). Soil microbes and their contribution to soil services. Ecosystem services in New Zealand—conditions and trends. Manaaki Whenua Press, Lincoln, New Zealand.
- Amundson Ronald. Soil Preservation and the Future of Pedology. Retrieved on 2006-06-08
- Andelsman, J., Rondon, M.R., Brady, S.F., Clardy, J. and Goodman, R.M. (1998) Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products. *Chem. Biol.* 5, R245–R249
- Andrews, S. (2010). FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data.
- Aronesty, E. (2013). Comparison of sequencing utility programs. *The Open Bioinformatics Journal*, 7(1).
- Atlas, R.M.; Bartha, R. 2002. *Ecología microbiana y microbiología ambiental*. 2º edición en español. PEARSON EDUCATION, S.A Madrid. 677p.
- Bakker, M. G., Chaparro, J. M., Manter, D. K., & Vivanco, J. M. (2015). Impacts of bulk soil microbial community structure on rhizosphere microbiomes of *Zea mays*. *Plant and Soil*, 392(1-2), 115-126.
- Baldock, J. A., Nelson, P. N., & Sumner, M. E. (1999). *Handbook of soil science*. CRC, Boca Raton, Fla, 149-175.
- Barzon, L., Lavezzo, E., Militello, V., Toppo, S., & Palù, G. (2011). Applications of next-generation sequencing technologies to diagnostic virology. *International journal of molecular sciences*, 12(11), 7861-7884.
- Bautista, Z. F., Delfín, G. H., Palacio, J., & Delgado, M. (2004). Técnicas de muestreo para manejadores de recursos naturales. Instituto de Ecología-Instituto de Geografía UNAM-UAY. 6:185-194.
- Beffa, R. S., Hofer, R. M., Thomas, M., & Meins, F. (1996). Decreased Susceptibility to Viral Disease of [β]-1, 3-Glucanase-Deficient Plants Generated by Antisense Transformation. *The Plant Cell*, 8(6), 1001-1011.
- Berendsen, R. L., Pieterse, C. M., & Bakker, P. A. (2012). The rhizosphere microbiome and plant health. *Trends in plant science*, 17(8), 478-486.
- Berg, G., & Smalla, K. (2009). Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere. *FEMS microbiology ecology*, 68(1), 1-13.
- Bienes Ramón, 2009. *Técnicas Experimentales e Instrumentales de Análisis en Edafología*, Edition: 2ª, Chapter: Capítulo 2: El perfil del suelo: formación y clasificación, Publisher: INIA - INAP, Editors: I. Walter, pp.17-54.
- Boisvert, S., Raymond, F., Godzaridis, É., Laviolette, F., & Corbeil, J. (2012). Ray Meta: scalable de novo metagenome assembly and profiling. *Genome biology*, 13(12), R122.
- Boratyn, G. M., Camacho, C., Cooper, P. S., Coulouris, G., Fong, A., Ma, N., ... & Raytselis, Y. (2013). BLAST: a more efficient report with usability improvements. *Nucleic acids research*, 41(W1), W29-W33.
- Bouza, C. N., & Covarrubias, D. (2005). Estimación del Índice de Diversidad de Simpson en m Sitios de Muestreo. *Revista investigación operacional*, 26(2).
- Brady, N. C., & Weil, R. R. (2010). *Elements of the nature and properties of soils* (No. 631.4 B733E.). Upper Saddle River, NJ, USA: Pearson Prentice Hall.
- Brown, S. M. (2012). Sequencing-by-synthesis: explaining the illumina sequencing technology. *Next Generation Sequencing*.
- Buol, S. W., Southard, R. J., Graham, R. C., & McDaniel, P. A. (2011). *Soil genesis and classification*. John Wiley & Sons.

- Burbano Orjuela, H. (1989). El suelo: una visión sobre sus componentes biorgánicos. Serie de investigaciones, (1).
- Cadena-Zamudio, J. D., Martínez-Peña, M. D., Guzmán-Rodríguez, L. F., Arteaga-Garibay, R. I., & de Morelos, T. (2016). APLICACIÓN DE SECUENCIACIÓN MASIVA PARA EL ESTUDIO Y EXPLORACIÓN DE DIVERSIDAD MICROBIANA Y SU APROVECHAMIENTO BIOTECNOLÓGICO. *Agroproductividad*, 9(2).
- Calvo Vélez, P., Reymundo Meneses, L., & Zúñiga Dávila, D. (2008). Estudio de las poblaciones microbianas de la rizósfera del cultivo de papa (*Solanum tuberosum*) en zonas altoandinas. *Ecología Aplicada*, 7(1-2), 141-148.
- Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., ... & Huttley, G. A. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature methods*, 7(5), 335-336.
- Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., ... & Huttley, G. A. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature methods*, 7(5), 335-336.
- Carbonetto, M. B. (2014). Diversidad de las comunidades microbianas de los suelos pampeanos. Enfoques ecológicos y metagenómicos (Doctoral dissertation, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires).
- Carmona-Galindo, V. D., & Carmona, T. V. (2013). La Diversidad de los Análisis de Diversidad La Diversidad de los Análisis de Diversidad [The Diversity of Diversity Analyses]. *Bioma*.
- Chen, M., Li, Y., Li, S., Tang, L., Zheng, J., & An, Q. (2016). Genomic identification of nitrogen-fixing *Klebsiella variicola*, *K. pneumoniae* and *K. quasipneumoniae*. *Journal of basic microbiology*, 56(1), 78-84.
- Clouse, S. D., & Sasse, J. M. L. (1998). Brassinosteroids: Essential Regulators of Plant Growth and Development. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plants Mol. Biol.*, 49, 427-451.
- Coleman, D. C., Crossley, D. A., & Hendrix, P. F. (2004). *Fundamentals of soil ecology*. Academic press.
- Correa-Galeote, D., Bedmar, E. J., Fernández-González, A. J., Fernández-López, M., & Arone, G. J. (2016). Bacterial communities in the rhizosphere of amilaceous maize (*Zea mays* L.) as assessed by pyrosequencing. *Frontiers in plant science*, 7.
- Courtois, S., Cappellano, C. M., Ball, M., Francou, F. X., Normand, P., Helynck, G., ... & August, P. R. (2003). Recombinant environmental libraries provide access to microbial diversity for drug discovery from natural products. *Applied and environmental microbiology*, 69(1), 49-55.
- Daniel, R. (2005). The metagenomics of soil. *Nature Reviews Microbiology*, 3(6), 470-478.
- De la Cruz-Barrón, M., Cruz-Mendoza, A., Navarro-Noya, Y. E., Ruiz-Valdiviezo, V. M., Ortíz-Gutiérrez, D., Ramírez-Villanueva, D. A., ... & Govaerts, B. (2017). The Bacterial Community Structure and Dynamics of Carbon and Nitrogen when Maize (*Zea mays* L.) and Its Neutral Detergent Fibre Were Added to Soil from Zimbabwe with Contrasting Management Practices. *Microbial ecology*, 73(1), 135-152.
- Deurenberg, R. H., Bathoorn, E., Chlebowicz, M. A., Couto, N., Ferdous, M., García-Cobos, S., ... & Zhou, K. (2017). Application of next generation sequencing in clinical microbiology and infection prevention. *Journal of biotechnology*, 243, 16-24.
- Díaz, M. L., & Medina, H. E. (2015). *Propiedades físicas, químicas y biológicas del suelo*.
- Dohrmann, A. B., Küting, M., Jünemann, S., Jaenicke, S., Schlüter, A., & Tebbe, C. C. (2013). Importance of rare taxa for bacterial diversity in the rhizosphere of Bt-and conventional maize varieties. *The ISME journal*, 7(1), 37.
- Dubey, S. K., Tripathi, A. K., & Upadhyay, S. N. (2006). Exploration of soil bacterial communities for their potential as bioresource. *Bioresource Technology*, 97(17), 2217-2224.
- Egan, A. N., Schlueter, J., & Spooner, D. M. (2012). Applications of next-generation sequencing in plant biology.

- Eldor A. Paul, (2006). Soil Microbiology, Ecology and Biochemistry Third Edition, Academic Press
- Espinosa, T. E. (2003). ¿ Cuántas especies hay. Los estimadores no paramétricos de Chao. *Elementos*, 52, 53-56.
- Fakruddin, M. D., & Chowdhury, A. (2012). Pyrosequencing an alternative to traditional Sanger sequencing. *Am J Biochem Biotechnol*, 8(1), 14-20.
- Eitinger, T., & Mandrand-Berthelot, M. A. (2000). Nickel transport systems in microorganisms. *Archives of microbiology*, 173(1), 1-9.
- FAO, Propiedades del Suelo, Propiedades Físicas del suelo, última actualización 2006, último acceso 14 de noviembre 2017, www.fao.org/soils-portal/soil-suvey/propiedades-del-suelo/propiedades-fisicas/es/
- Fernández, X. M. (2016, July). Next Generation Sequencing–Applications. In *JOURNAL OF PATHOLOGY* (Vol. 240, pp. 11-11). 111 RIVER ST, HOBOKEN 07030-5774, NJ USA: WILEY-BLACKWELL.
- Fernández, M. T. (2007). Fósforo: amigo o enemigo. *ICIDCA. Sobre los derivados de la Caña de Azúcar*, 41(2).
- Garciglia, R. S., Rodríguez, M. A. C., & Rosa, E. (2013). Uso de brasinoesteroides y sus análogos en la agricultura. *Biológicas Revista de la DES Ciencias Biológico Agropecuarias Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo*, 10(1), 18-27.
- Genti, S. (2013). Metagenomics: beyond the genome of the microorganisms. *Bitácora digital [Internet]*.
- Glick, B. R. (1995). The enhancement of plant growth by free-living bacteria. *Canadian Journal of Microbiology*, 41(2), 109-117.
- Goodwin, S., McPherson, J. D., & McCombie, W. R. (2016). Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nature Reviews Genetics*, 17(6), 333-351.
- Haas, B. J., Gevers, D., Earl, A. M., Feldgarden, M., Ward, D. V., Giannoukos, G., ... & Methé, B. (2011). Chimeric 16S rRNA sequence formation and detection in Sanger and 454-pyrosequenced PCR amplicons. *Genome research*, 21(3), 494-504.
- Handelsman, J., Tiedje, J., Alvarez-Cohen, L., Ashburner, M., Cann, I. K. O., DeLong, E. F., ... & Riley, M. (2007). The new science of metagenomics: revealing the secrets of our microbial planet. *Nat Res Council Report*, 13, 47-84.
- Haubrick LL, Assmann SM (2006) Brassinosteroids and plant function: some clues, more puzzles. *Plant Cell Environ* 29:446–457
- Hayat, S., Ali, B., Hasan, S. A., & Ahmad, A. (2007). Brassinosteroid enhanced the level of antioxidants under cadmium stress in *Brassica juncea*. *Environmental and Experimental Botany*, 60(1), 33-41.
- Hernández, L. J. C. (2012). Estudio del desarrollo radical del cultivo del trigo (*Triticum aestivum* L. var. TRIUNFO F2004) aplicando ácido salicílico vía foliar (Doctoral dissertation, Tesis de Maestría en Ciencias. Colegios de Postgraduados. Montecillo, Texcoco, Estado de México. México).
- Iglesias, M., Pérez, C., & Coll, F. (1996). Brasinoesteroides naturales y análogos sintéticos. *Revista CENIC de Ciencias Químicas*, 27, 3-12.
- Illumina, Inc, (2016), An introduction to next-generation sequencing technology. Recuperado de: https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/illumina_sequencing_introduction.pdf
- Illumina, Inc, (2017), History of sequencing by synthesis, The evolution of the next-generation sequencing technology powering Illumina instruments. Recuperado de: <https://www.illumina.com/science/technology/next-generation-sequencing/illumina-sequencing-history.html>
- Jaramillo Jaramillo, D. F. (2002). Introducción a la ciencia del suelo.

- Jordán, M., & Casaretto, J. (2006). Hormonas y reguladores del crecimiento: etileno, ácido abscísico, brasinoesteroides, poliaminas, ácido salicílico y ácido jasmónico. *Fisiología vegetal*. Ediciones Universidad de La Serena, La Serena, Chile.[Links].
- Kanehisa, M., Sato, Y., and Morishima, K. (2016) BlastKOALA and GhostKOALA: KEGG tools for functional characterization of genome and metagenome sequences. *J. Mol. Biol.* 428, 726-731.
- Kato, K., Shoji, H., Kakizaki, T., Honda, K., Kakimoto, A., Sakuma, T., ... & Furuta, K. (2014). 1613PNEXT GENERATION SEQUENCING OF CIRCULATING TUMOR CELLS ISOLATED FROM THE PERIPHERAL BLOOD OF PATIENTS WITH GASTROINTESTINAL CANCER. CIRCLE-1 TRIAL. *Annals of Oncology*, 25(suppl 4), iv558-iv558.
- Kirby, E., & Romheld, V. (2008). Micronutrientes en la fisiología de la planta: funciones, absorción y movilidad. *Informaciones Agronómicas*, (68), 1-3.
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & Glöckner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic acids research*, 41(1), e1-e1.
- Kraker, C., & Cobar, A. J. (2011). Uso de rarefacción para comparación de la riqueza de especies: el caso de las aves de sotobosque en la zona de influencia del Parque Nacional Laguna Lachuá, Guatemala. *Naturaleza y Desarrollo*, 9(1), 62-70.
- LANGER, L., GABOR, E., LIEBETON, K., MEURER, G., NIEHAUS, F., SCHULZE, R., ECK, J., AND LORENZ, P. 2006. Metagenomics: An inexhaustible access to nature's diversity. *Biotechnology Journal*. 1: 815–821.
- Langmead, B., & Salzberg, S. L. (2012). Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature methods*, 9(4), 357-359.
- Li, D., Liu, C. M., Luo, R., Sadakane, K., & Lam, T. W. (2015). MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph. *Bioinformatics*, 31(10), 1674-1676.
- Li, X., Rui, J., Mao, Y., Yannarell, A., & Mackie, R. (2014). Dynamics of the bacterial community structure in the rhizosphere of a maize cultivar. *Soil Biology and Biochemistry*, 68, 392-401.
- Li, X., Rui, J., Xiong, J., Li, J., He, Z., Zhou, J., ... & Mackie, R. I. (2014). Functional potential of soil microbial communities in the maize rhizosphere. *PloS one*, 9(11), e112609.
- Lozada, A. E., Lagarda, G. G., Jiménez, A. M., & Zapata, F. B. (2000). Diversidad bacteriana del suelo: métodos de estudio no dependientes del cultivo microbiano e implicaciones biotecnológicas.
- Masepohl, B., & Kranz, R. G. (2009). Regulation of nitrogen fixation. In *The purple phototrophic bacteria* (pp. 759-775). Springer Netherlands.
- Masuda, S., Bao, ., Okubo, T., Sasaki, K., Ikeda, S., Shinoda, R., & Minamusawa, K. (2016). Sulfur fertilization changes the community structure of rice root-, and soil-associated bacteria. *Microbes and environments*, 31(1), 70-75.
- Maxam, A. M., & Gilbert, W. (1977). A new method for sequencing DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 74(2), 560-564.
- McCormack, J. E., Hird, S. M., Zellmer, A. J., Carstens, B. C., & Brumfield, R. T. (2013). Applications of next-generation sequencing to phylogeography and phylogenetics. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 66(2), 526-538.
- McGinn, S., & Gut, I. G. (2013). DNA sequencing—spanning the generations. *New biotechnology*, 30(4), 366-372.
- Metzker M.L. 2010. Sequencing technologies-the next generation. *Nature reviews Genetics* 11: 31-46.
- Mount, D. W. (2007). Using the basic local alignment search tool (BLAST). *Cold Spring Harbor Protocols*, 2007(7), pdb-top17.
- Nakashita, H., Yasuda, M., Nitta, T., Asami, T., Fujioka, S., Arai, Y., ... & Yoshida, S. (2003). Brassinosteroid functions in a broad range of disease resistance in tobacco and rice. *The Plant Journal*, 33(5), 887-898.

- Nannipieri, P., Ascher, J., Ceccherini, M., Landi, L., Pietramellara, G., & Renella, G. (2003). Microbial diversity and soil functions. *European Journal of Soil Science*, 54(4), 655-670.
- National Human Genome Research Institute. (15 de enero de 2016). DNA sequencing costs (Costos de la secuenciación de ADN). En Large-scale genome sequencing and analysis centers (LSAC). Consultado en <https://www.genome.gov/sequencingcosts/>.
- Nawaz, F. Naeem, M. Zulfiqar, B. Akram, A. Ashraf, M. Y. Raheel, M. Shabbir, R. Hussain, R. Anwar, I. Aurangzaib, M. (2017). "Understanding brassinosteroid-regulated mechanisms to improve stress tolerance in plants: a critical review." *Environmental Science and Pollution Research*: 1-17.
- Nayfach, S., Bradley, P. H., Wyman, S. K., Laurent, T. J., Williams, A., Eisen, J. A., ... & Sharp, T. J. (2015). Automated and accurate estimation of gene family abundance from shotgun metagenomes. *PLoS computational biology*, 11(11), e1004573.
- Nogales, B. (2005). La microbiología del suelo en la era de la biología molecular: descubriendo la punta del iceberg. *Revista Ecosistemas*, 14(2).
- Núñez, M., Mazon, L. M., Reyes, Y., & Martínez, L. (2010). Los brasinoesteroides y las respuestas de las plantas a estrés abióticos: Una visión actualizada. *Cultivos Tropicales*, 31(2), 00-00.
- Pacchioni, R. G., Carvalho, F. M., Thompson, C. E., Faustino, A. L., Nicolini, F., Pereira, T. S., ... & Agnez-Lima, L. F. (2014). Taxonomic and functional profiles of soil samples from Atlantic forest and Caatinga biomes in northeastern Brazil. *MicrobiologyOpen*, 3(3), 299-315.
- Pajares, S., Bohannan, B. J., & Souza, V. (2016). The Role of Microbial Communities in Tropical Ecosystems. *Frontiers in microbiology*, 7, 1805.
- Peiffer J. A., Spor A., Koren O., Jin Z., Tringe S. G., Dangl J. L., et al. (2013). Diversity and heritability of the maize rhizosphere microbiome under field conditions. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110 6548–6553. 10.1073/pnas.1302837110
- Peralta, J., E. González. 2009. Leguminosas de Navarra. Herbario de la Universidad Pública de Navarra. http://www.unavarra.es/herbario/leguminosas/htm/inicio_L.htm
- Pershina, E., Valkonen, J., Kurki, P., Ivanova, E., Chirak, E., Korvigo, I., ... & Andronov, E. (2015). Comparative analysis of prokaryotic communities associated with organic and conventional farming systems. *PloS one*, 10(12), e0145072.
- Pignatelli M. (2014). Blast2lca. Available at: <https://github.com/emepyc/Blast2lca>
- Pla, L. (2006). Biodiversidad: Inferencia basada en el índice de Shannon y la riqueza. *Interciencia*, 31(8).
- Pozo, M. J., López-Ráez, J. A., Azcón-Aguilar, C., & García-Garrido, J. M. (2015). Phytohormones as integrators of environmental signals in the regulation of mycorrhizal symbioses. *New Phytologist*, 205(4), 1431-1436.
- Purves, William K., David E. Sadava, Gordon H. Orians, y H. Craig Heller. "Prokaryotes Are Important Players in Nutrient Cycling" (Los procariontes son actores importantes en el ciclo del nitrógeno). En *Life: The Science of Biology*, 531. 7a ed. Sunderland: Sinauer Associates, 2003.
- Pusztahelyi, T., Holb, I. J., & Pócsi, I. (2015). Secondary metabolites in fungus-plant interactions. *Frontiers in plant science*, 6.
- Quail, M. A., Smith, M., Coupland, P., Otto, T. D., Harris, S. R., Connor, T. R., ... & Gu, Y. (2012). A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers. *BMC genomics*, 13(1), 341.
- Quiñones-Aguilar, E. E., Evangelista-Mar, Z., & Rincón-Enríquez, G. (2016). Los actinomicetos y su aplicación biotecnológica.
- Ramírez G. R. M., Luna M. B., Mejía Ch. A., Velázquez M. O., Tsuzuki R. G., Vierna G. L., Muggenburg I. 1992. En: *Manual de prácticas de microbiología general*. Laboratorio de microbiología experimental. Facultad de Química, UNAM.
- Randall, J. S., & Sharon, A. (2005). *Soils Genesis and Geomorphology*. Cambridge University Press, UK, ISBN, 521812011, 832.

- Raven, Peter H., George B. Johnson, Kenneth A. Mason, Jonathan B. Losos, y Susan R. Singer. "Biogeochemical Cycles". (Ciclos biogeoquímicos). En *biology*, 1209-1214. 10ma ed., AP ed. New York: Mc Graw-Hill, 2014.
- Rico, A., Pérez, R., (2013) Química, Segundo Curso para Estudiantes del Bachillerato del CCH. CCH-UNAM. México
- Rodríguez, H., & Fraga, R. (1999). Phosphate solubilizing bacteria and their role in plant growth promotion. *Biotechnology advances*, 17(4-5), 319-339.
- Roesch, L. F., Fulthorpe, R. R., Riva, A., Casella, G., Hadwin, A. K., Kent, A. D., ... & Triplett, E. W. (2007). Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity. *The ISME journal*, 1(4), 283
- Rokhbakhsh-Zamin, F., Sachdev, D., Kazemi-Pour, N., Engineer, A., Pardesi, K. R., Zinjarde, S., & Chopade, B. A. (2011). Characterization of plant-growth-promoting traits of *Acinetobacter* species isolated from rhizosphere of *Pennisetum glaucum*. *J Microbiol Biotechnol*, 21(6), 556-566.
- Rucks, L., García, F., Kaplán, A., Ponce de León, J., & Hill, M. (2004). Propiedades físicas del suelo. Universidad de la República: Facultad de agronomía. Montevideo, Uruguay.
- Salamone, I. E. G. (2011). Microorganismos del suelo y sustentabilidad de los agroecosistemas. *Revista argentina de microbiología*, 43(1), 1-3.
- Sanchez de P., M. 2005. Endomicorrizas en Suelos Tropicales. Cap. 3. La rizósfera: Estrategia de colonización. Universidad Nacional de Colombia, Pg. 106 - 134.
- Sánchez de PM, P. M. (2001). Nociones fundamentales para el manejo ecológico de problemas fitosanitarios. Colombia: Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira, Pronatta, Ministerio de Agricultura. Impresora Feriva.
- Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, A. R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the national academy of sciences*, 74(12), 5463-5467.
- Sasse, J. M. (1997). Recent progress in brassinosteroid research. *Physiologia Plantarum*, 100(3), 696-701.
- Schirmer, M., D'Amore, R., Ijaz, U. Z., Hall, N., & Quince, C. (2016). Illumina error profiles: resolving fine-scale variation in metagenomic sequencing data. *BMC bioinformatics*, 17(1), 125.
- Schmeisser, C., Stöckigt, C., Raasch, C., Wingender, J., Timmis, K. N., Wenderoth, D. F., ... & Streit, W. R. (2003). Metagenome survey of biofilms in drinking-water networks. *Applied and environmental microbiology*, 69(12), 7298-7309.
- Schmieder, R., & Edwards, R. (2011). Quality control and preprocessing of metagenomic datasets. *Bioinformatics*, 27(6), 863-864.
- Schmieder, R., & Edwards, R. (2011). Quality control and preprocessing of metagenomic datasets. *Bioinformatics*, 27(6), 863-864.
- Segata, N., Waldron, L., Ballarini, A., Narasimhan, V., Jousson, O., & Huttenhower, C. (2012). Metagenomic microbial community profiling using unique clade-specific marker genes. *Nature methods*, 9(8), 811-814.
- Segata-Boernigen D., Tickle T. L., Morgan X. C., Garrett W.S., Huttenhower C. 2013. Computational meta'omics for microbial community studies. *Molecular Systems Biology* 9: 666.
- Sierra, C. L. J., Ramírez, J. S., Cortés-Calva, P., Cámara, A. B. S., Dávalos, L. I. Í., & Ortega-Rubio, A. (2014). México país megadiverso y la relevancia de las áreas naturales protegidas. **NÚMERO ESPECIAL MONOGRÁFICO: ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS**, 16.
- Singh, J. S., Kumar, A., Rai, A. N., & Singh, D. P. (2016). Cyanobacteria: a precious bio-resource in agriculture, ecosystem, and environmental sustainability. *Frontiers in microbiology*, 7.
- Spain, A. M., Krumholz, L. R., & Elshahed, M. S. (2009). Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. *The ISME journal*, 3(8), 992.
- Stekel, D. J., Git, Y., & Falciani, F. (2000). The comparison of gene expression from multiple cDNA libraries. *Genome research*, 10(12), 2055-2061.

- Suárez Silva, Y. A. (Análisis de la funcionalidad y diversidad microbiana en suelos dedicados al cultivo de papa criolla (*Solanum phureja*) mediante una aproximación metagenómica. Tesis magister en Microbiología. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia. 2010.
- Temme, K., Zhao, D., & Voigt, C. A. (2012). Refactoring the nitrogen fixation gene cluster from *Klebsiella oxytoca*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(18), 7085-7090.
- Thomas, T., Gilbert, J., & Meyer, F. (2012). Metagenomics-a guide from sampling to data analysis. *Microbial informatics and experimentation*, 2(1), 3.
- Tsurumaru, H., Okubo, T., Okazaki, K., Hashimoto, M., Kakizaki, K., Hanzawa, E., ... & Ikeda, S. (2015). Metagenomic analysis of the bacterial community associated with the taproot of sugar beet. *Microbes and environments*, 30(1), 63-69.
- Villanueva Couch, E. 2008. Nutrición con N, P, K, Ácido Salicilico y Dimetilsulfóxido en la producción de *Chrysanthemum morifolium* Ramat. Con sustratos regionales de Yucatán. Tesis de Doctorado, Colegio de Postgraduados, Montecillo, Edo. De Méx. 75p.
- Villarreal, H., Álvarez, M., Córdoba, S., Escobar, F., Fagua, G., Gast, F., ... & Umaña, A. M. (2006). Métodos para el análisis de datos: una aplicación para resultados provenientes de caracterizaciones de biodiversidad. *Manual de Métodos Para el Desarrollo de Inventarios de Biodiversidad*. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, Bogotá, Colombia, 185-226.
- Volke, Sepúlveda, T., Velasco-Trejo, J.A., de la Rosa Pérez, D.A., 2005. Suelos Contaminados por metales y metaloides: muestreo y alternativas para su remediación, Secretaria de Medio ambiente y Recursos Naturales, Instituto Nacional de Ecología, Impreso en México. Pp 19-31.
- Wang, J., Li, G., & Fe, J. (2011, April). Fast-join: An efficient method for fuzzy token matching based string similarity join. In *Data Engineering (ICDE), 2011 IEEE 27th International Conference on* (pp. 458-469). IEEE.
- Weil, R. R., Brady, N. C., & Weil, R. R. (2016). *The nature and properties of soils*. Pearson.
- Zeferino-Díaz, R., Hilario-Martínez, J. C., Rodríguez-Acosta, M., Sandoval-Ramírez, J., & Fernández-Herrera, M. A. (2015). 22-Oxocholestanes as plant growth promoters. *Steroids*, 98, 126-131.
- Zullo, M. A. T., Kohout, L., & de Azevedo, M. D. B. M. (2003). Some notes on the terminology of brassinosteroids. *Plant growth regulation*, 39(1), 1-11.

ANEXOS

Anexo 1. Abundancias relativas de las familias usadas para la construcción de Heatmap a nivel de Familia.

| Taxonomy | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|---|----------------|--------------|-----------------|
| Acetobacteraceae | 0.61425946 | 0.62115462 | 0.63013645 |
| Acidimicrobiaceae | 0.435297 | 0.55322469 | 0.36977451 |
| Acidobacteriaceae | 0.49343775 | 0.53694309 | 0.64059336 |
| Actinobacteria | 0.21104235 | 0.25771437 | 0.16081344 |
| Actinomycetaceae | 0.47316067 | 0.4950408 | 0.47777477 |
| Alcaligenaceae | 1.07887862 | 1.11398488 | 0.98558236 |
| Alphaproteobacteria | 0.37517621 | 0.3683995 | 0.35122156 |
| Anaeromyxobacteraceae | 0.91136487 | 0.92697893 | 0.98122331 |
| Beutenbergiaceae | 0.17357719 | 0.20145754 | 0.11225834 |
| Bradyrhizobiaceae | 3.96245441 | 4.3682437 | 2.82639072 |
| Burkholderiaceae | 2.74367317 | 2.86353815 | 2.99823304 |
| Burkholderiales | 2.02403034 | 1.74885132 | 2.19604521 |
| Caulobacteraceae | 14.69563329 | 14.61009169 | 18.11529693 |
| Cellulomonadaceae | 0.62945579 | 0.69221678 | 0.38626452 |
| Chromatiaceae | 0.33868365 | 0.33881413 | 0.38590998 |
| Chromobacteriaceae | 0.36293977 | 0.32526823 | 0.40043764 |
| Clostridiales Family XVII. Incertae Sedis | 0.17481977 | 0.19028871 | 0.18198078 |
| Comamonadaceae | 4.14688613 | 3.48696955 | 3.99569861 |
| Conexibacteraceae | 0.97088496 | 1.33233544 | 0.53963752 |
| Coriobacteriaceae | 0.19480708 | 0.21510574 | 0.21304723 |
| Corynebacteriaceae | 0.39772585 | 0.45790778 | 0.33495011 |
| Cystobacteraceae | 0.15016957 | 0.10929151 | 0.14922542 |
| Deinococcaceae | 0.39652997 | 0.4041211 | 0.42857926 |
| Dermacoccaceae | 0.28352673 | 0.31095295 | 0.18247027 |
| Desulfovibrionaceae | 0.281935934 | 0.29630134 | 0.33615156 |
| Ectothiorhodospiraceae | 0.66855908 | 0.63842789 | 0.78133453 |
| Eggerthellaceae | 0.19406303 | 0.20572928 | 0.20214418 |
| Enterobacteriaceae | 2.06 | 3.6 | 3.61 |
| Erythrobacteraceae | 0.46257878 | 0.33654311 | 0.65343235 |
| Frankiaceae | 0.52935776 | 0.63658788 | 0.43414878 |
| Gemmatimonadaceae | 0.28214633 | 0.26545007 | 0.37851374 |
| Geobacteraceae | 0.36244261 | 0.36884259 | 0.41768755 |
| Geodermatophilaceae | 1.13290494 | 1.05058805 | 0.55654253 |
| Gordoniaceae | 0.15965978 | 0.2033307 | 0.12607184 |
| Halobacteriaceae | 0.32835191 | 0.38997201 | 0.33465062 |

| Taxonomy | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|-----------------------|----------------|--------------|-----------------|
| Hydrogenophilaceae | 0.30945116 | 0.27487287 | 0.34880543 |
| Hyphomicrobiaceae | 0.55635033 | 0.56486331 | 0.56933922 |
| Intrasporangiaceae | 0.28504822 | 0.34381044 | 0.13783199 |
| Kineosporiaceae | 0.17431378 | 0.17512476 | 0.09832747 |
| Kofleriaceae | 0.20557031 | 0.19911206 | 0.24150757 |
| Lachnospiraceae | 8.03175727 | 7.88614814 | 10.02702696 |
| Methylobacteriaceae | 1.42017602 | 1.5258768 | 1.13309333 |
| Microbacteriaceae | 1.13238081 | 1.189246 | 0.37514403 |
| Micrococcaceae | 1.27929886 | 1.20257705 | 0.57667986 |
| Micromonosporaceae | 1.06845837 | 1.26123452 | 0.7785381 |
| Moraxellaceae | 0.75924946 | 0.76191512 | 1.358331724 |
| Mycobacteriaceae | 1.18763203 | 1.6581204 | 0.956586873 |
| Myxococcaceae | 0.53279187 | 0.46964688 | 0.57475132 |
| Natrialbaceae | 0.57360882 | 0.64594635 | 0.5465136 |
| Nitrosomonadaceae | 1.27803263 | 0.3224892 | 0.49397664 |
| Nocardiaceae | 0.59669169 | 0.78500272 | 0.46017062 |
| Nocardioidaceae | 1.71634998 | 1.80117173 | 0.83460001 |
| Nocardiopsaceae | 0.22089707 | 0.24684567 | 0.16843302 |
| Opitutaceae | 0.17012677 | 0.17886664 | 0.22897628 |
| Oxalobacteraceae | 0.90317305 | 0.75496333 | 0.87895437 |
| Paenibacillaceae | 0.18638047 | 0.19245532 | 0.198788195 |
| Phycisphaeraceae | 0.20104002 | 0.20268461 | 0.2288818 |
| Phyllobacteriaceae | 1.07435856 | 1.04244177 | 0.84241472 |
| Planctomycetaceae | 0.30713953 | 0.35918242 | 0.31686332 |
| Polyangiaceae | 0.24791264 | 0.26504889 | 0.31102689 |
| Promicromonosporaceae | 0.515317 | 0.5673174 | 0.3224156 |
| Propionibacteriaceae | 0.43741722 | 0.48574877 | 0.34201542 |
| Pseudomonadaceae | 2.92712531 | 2.48663396 | 1.624034224 |
| Pseudonocardiaceae | 1.4468447 | 1.66749031 | 1.17756698 |
| Rhizobiaceae | 2.07091003 | 2.18646095 | 1.89065893 |
| Rhodobacteraceae | 0.7093081 | 0.679592621 | 0.718067263 |
| Rhodocyclaceae | 1.20970119 | 1.08585565 | 1.34146951 |
| Rhodospirillaceae | 1.51947352 | 1.52360128 | 1.64641349 |
| Rhodothermaceae | 0.21217881 | 0.21553992 | 0.24135539 |
| Rubrobacteraceae | 0.82842898 | 1.14207226 | 0.41256759 |
| Sanguibacteraceae | 0.15645849 | 0.16821969 | 0.09480463 |
| Sphaerobacteraceae | 0.29240487 | 0.29423013 | 0.24585222 |
| Sphingomonadaceae | 6.1442718 | 4.78369448 | 8.61255976 |
| Streptomycetaceae | 2.05334949 | 2.23216453 | 1.252212272 |
| Streptosporangiaceae | 0.15094692 | 0.1774599 | 0.10537824 |
| Sutterellaceae | 0.15078864 | 0.14263799 | 0.17187255 |

| Taxonomy | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|---------------------|----------------|--------------|-----------------|
| Thermaceae | 0.43926075 | 0.47308211 | 0.44917381 |
| Thermomonosporaceae | 0.17613361 | 0.19930312 | 0.12313599 |
| Veillonellaceae | 0.30599587 | 0.33204406 | 0.35901755 |
| Xanthobacteraceae | 0.86962019 | 0.98291597 | 0.80810575 |
| Xanthomonadaceae | 4.91640176 | 3.50362386 | 3.27238773 |

Anexo 2. Abundancias relativas de géneros utilizadas para la construcción de Heatmap a nivel de género.

| Taxonomy | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|-------------------------|----------------|--------------|-----------------|
| <i>Achromobacter</i> | 0.41110174 | 0.47438127 | 0.32461254 |
| <i>Acidovorax</i> | 0.7632288 | 0.64977046 | 0.77146393 |
| <i>Acinetobacter</i> | 0.75924946 | 0.76191512 | 1.358331724 |
| <i>Actinomyces</i> | 0.47316067 | 0.4950408 | 0.47777477 |
| <i>Actinoplanes</i> | 0.53988135 | 0.61031576 | 0.39954851 |
| <i>Aeromicrobium</i> | 0.29742992 | 0.33698751 | 0.20804479 |
| <i>Afipia</i> | 0.54555519 | 0.67079182 | 0.50934877 |
| <i>Agrobacterium</i> | 0.63319831 | 0.6243777 | 0.55539821 |
| <i>Alicyclophilus</i> | 0.29520053 | 0.25578866 | 0.28426068 |
| <i>Anaeromyxobacter</i> | 0.91136487 | 0.92697893 | 0.98122331 |
| <i>Anaerostipes</i> | 8.01877526 | 7.87231454 | 10.01450121 |
| <i>Arthrobacter</i> | 0.99608063 | 0.90926509 | 0.38444324 |
| <i>Azoarcus</i> | 0.46906911 | 0.42866181 | 0.5159324 |
| <i>Azospirillum</i> | 0.67620888 | 0.67800254 | 0.69068564 |
| <i>Blastococcus</i> | 0.37682551 | 0.31939611 | 0.18158186 |
| <i>Bordetella</i> | 0.4182392 | 0.38511191 | 0.39779883 |
| <i>Bradyrhizobium</i> | 1.64964926 | 2.254055 | 1.49055926 |
| <i>Brevundimonas</i> | 13.34348981 | 13.20865239 | 16.5918701 |
| <i>Burkholderia</i> | 1.79826617 | 1.94773827 | 1.99129531 |
| <i>Caulobacter</i> | 0.67121238 | 0.7329525 | 0.7616044 |
| <i>Cellulomonas</i> | 0.62945579 | 0.69221678 | 0.38626452 |
| <i>Clavibacter</i> | 0.40791825 | 0.38393888 | 0.14608464 |
| <i>Conexibacter</i> | 0.97088496 | 1.33233544 | 0.53963752 |
| <i>Corynebacterium</i> | 0.30215981 | 0.3378203 | 0.2522237 |
| <i>Cupriavidus</i> | 0.53671776 | 0.54053325 | 0.55833918 |
| <i>Deinococcus</i> | 0.39652997 | 0.4041211 | 0.42857926 |
| <i>Enterobacter</i> | 0.574426428 | 0.45332328 | 0.38274398 |
| <i>Erythrobacter</i> | 0.46257878 | 0.33654311 | 0.65343235 |
| <i>Escherichia</i> | 1.06214945 | 2.60431648 | 2.86538239 |
| <i>Frankia</i> | 0.52935776 | 0.63658788 | 0.43414878 |
| <i>Gemmatimonas</i> | 0.28214633 | 0.26545007 | 0.37851374 |
| <i>Geobacter</i> | 0.36244261 | 0.36884259 | 0.41768755 |
| <i>Geodermatophilus</i> | 0.41238599 | 0.37665938 | 0.19535347 |
| <i>Hyphomicrobium</i> | 0.36324011 | 0.36404909 | 0.36075868 |
| <i>Ilumatobacter</i> | 0.32324748 | 0.41597636 | 0.25214907 |
| <i>Intrasporangium</i> | 0.28504822 | 0.34381044 | 0.13783199 |
| <i>Isoptericola</i> | 0.3214269 | 0.35693367 | 0.20536673 |
| <i>Kribbella</i> | 0.28212069 | 0.30480326 | 0.17187135 |
| <i>Leptothrix</i> | 0.54397563 | 0.45518046 | 0.58593533 |
| <i>Massilia</i> | 0.5532732 | 0.44286205 | 0.55371396 |

| Taxonomy | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|--------------------------|----------------|--------------|-----------------|
| <i>Mesorhizobium</i> | 0.99072385 | 0.96268572 | 0.76620971 |
| <i>Methylibium</i> | 0.61468163 | 0.52235927 | 0.66201581 |
| <i>Methylobacterium</i> | 1.42017602 | 1.5258768 | 1.13309333 |
| <i>Microbacterium</i> | 0.50058636 | 0.61175944 | 0.16474006 |
| <i>Micromonospora</i> | 0.25795437 | 0.3231515 | 0.17659684 |
| <i>Modestobacter</i> | 0.34369344 | 0.35453256 | 0.1796072 |
| <i>Mycobacterium</i> | 1.16887358 | 1.63733643 | 0.940030623 |
| <i>Myxococcus</i> | 0.37777362 | 0.3297945 | 0.4049492 |
| <i>Natronococcus</i> | 0.38486751 | 0.43761819 | 0.35820502 |
| <i>Nitrobacter</i> | 1.24208743 | 0.77531609 | 0.34051335 |
| <i>Nitrosospira</i> | 1.27803263 | 0.3224892 | 0.49397664 |
| <i>Nocardioides</i> | 1.13679937 | 1.15938096 | 0.45468387 |
| <i>Novosphingobium</i> | 0.87182306 | 0.65505036 | 1.18292656 |
| <i>Phenyllobacterium</i> | 0.64479475 | 0.63210724 | 0.71077378 |
| <i>Polymorphum</i> | 0.32450771 | 0.33457714 | 0.29900968 |
| <i>Propionibacterium</i> | 0.31942292 | 0.3460739 | 0.27068798 |
| <i>Pseudomonas</i> | 2.80021834 | 2.35312006 | 1.49891467 |
| <i>Pseudoxanthomonas</i> | 1.61461759 | 1.1853376 | 1.18828236 |
| <i>Ralstonia</i> | 0.30379785 | 0.27446446 | 0.33390871 |
| <i>Ramlibacter</i> | 1.61742321 | 1.03372323 | 1.3578114 |
| <i>Rhizobium</i> | 0.59563877 | 0.68502022 | 0.65742795 |
| <i>Rhodanobacter</i> | 1.48256528 | 0.66923692 | 0.47808674 |
| <i>Rhodococcus</i> | 0.36317336 | 0.5206266 | 0.2765061 |
| <i>Rhodopseudomonas</i> | 0.31113966 | 0.40809377 | 0.28997836 |
| <i>Rhodospirillum</i> | 0.33572838 | 0.3425757 | 0.36820208 |
| <i>Rubrivivax</i> | 0.75632204 | 0.66874034 | 0.82866647 |
| <i>Rubrobacter</i> | 0.82842898 | 1.14207226 | 0.41256759 |
| <i>Saccharomonospora</i> | 0.57466444 | 0.68572474 | 0.50754805 |
| <i>Sinorhizobium</i> | 0.84207295 | 0.87706303 | 0.67783277 |
| <i>Sphaerobacter</i> | 0.29240487 | 0.29423013 | 0.24585222 |
| <i>Sphingobium</i> | 1.91873677 | 1.47319182 | 2.57319432 |
| <i>Sphingomonas</i> | 2.44058408 | 1.77403943 | 3.5587307 |
| <i>Sphingopyxis</i> | 0.91312789 | 0.88141287 | 1.29770818 |
| <i>Starkeya</i> | 0.49464127 | 0.56281382 | 0.4735403 |
| <i>Stenotrophomonas</i> | 0.9754112 | 0.96698171 | 0.87761037 |
| <i>Streptomyces</i> | 1.91579175 | 2.07523347 | 1.155174842 |
| <i>Thauera</i> | 0.35117314 | 0.30783644 | 0.39093175 |
| <i>Thioalkalivibrio</i> | 0.38431157 | 0.35602686 | 0.45206695 |
| <i>Thiobacillus</i> | 0.30945116 | 0.27487287 | 0.34880543 |
| <i>Variovorax</i> | 0.70734434 | 0.8371635 | 0.85123412 |
| <i>Xanthomonas</i> | 0.76207777 | 0.63074319 | 0.66522876 |

Anexo 3. Frecuencias relativas por muestra para la construcción de un histograma a nivel de familia.

| FAMILIA | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra |
|----------------------------|-------------|---------|-------------|---------|-------------|----------|
| Acetobacteraceae | 0.006142595 | Control | 0.006211546 | aBss4 | 0.006301365 | aBss8/18 |
| Acidimicrobiaceae | 0.00435297 | Control | 0.007110869 | aBss4 | 0.007056481 | aBss8/18 |
| Acidithiobacillaceae | 0.000387888 | Control | 0.009686109 | aBss4 | 0.007966256 | aBss8/18 |
| Acidobacteria | 0.000587276 | Control | 0.009047099 | aBss4 | 0.007261119 | aBss8/18 |
| Acidobacteriaceae | 0.004934378 | Control | 0.008942643 | aBss4 | 0.007129835 | aBss8/18 |
| Acidothermaceae | 0.000496147 | Control | 0.009305061 | aBss4 | 0.00767273 | aBss8/18 |
| Actinobacteria | 0.002110424 | Control | 0.010383965 | aBss4 | 0.009003235 | aBss8/18 |
| Actinomycetaceae | 0.004731607 | Control | 0.009125904 | aBss4 | 0.008062521 | aBss8/18 |
| Aeromonadaceae | 0.000974915 | Control | 0.008656013 | aBss4 | 0.007924514 | aBss8/18 |
| Alcaligenaceae | 0.010788786 | Control | 0.005167761 | aBss4 | 0.006204793 | aBss8/18 |
| Alcanivoracaceae | 0.000476641 | Control | 0.005689679 | aBss4 | 0.006825859 | aBss8/18 |
| Alicyclobacillaceae | 0.000740496 | Control | 0.005978236 | aBss4 | 0.00723929 | aBss8/18 |
| Alphaproteobacteria | 0.003751762 | Control | 0.005957451 | aBss4 | 0.006894818 | aBss8/18 |
| Alteromonadaceae | 0.000301138 | Control | 0.007279978 | aBss4 | 0.006948622 | aBss8/18 |
| Anaerolineaceae | 0.000156068 | Control | 0.006543896 | aBss4 | 0.005911649 | aBss8/18 |
| Anaeromyxobacteraceae | 0.009113649 | Control | 0.006055364 | aBss4 | 0.005179139 | aBss8/18 |
| Atopobiaceae | 0.000894136 | Control | 0.005812211 | aBss4 | 0.004890686 | aBss8/18 |
| Bacillaceae | 0.000342421 | Control | 0.006015702 | aBss4 | 0.00545716 | aBss8/18 |
| Bacillales | 0.000073798 | Control | 0.005944064 | aBss4 | 0.005132928 | aBss8/18 |
| Beijerinckiaceae | 0.001356053 | Control | 0.005938563 | aBss4 | 0.005121001 | aBss8/18 |
| Betaproteobacteria | 0.000957601 | Control | 0.003661336 | aBss4 | 0.003790784 | aBss8/18 |
| Beutenbergiaceae | 0.001735772 | Control | 0.003465065 | aBss4 | 0.003643097 | aBss8/18 |
| Bifidobacteriaceae | 0.001485215 | Control | 0.003383612 | aBss4 | 0.003606029 | aBss8/18 |
| Bradyrhizobiaceae | 0.039624544 | Control | 0.003280511 | aBss4 | 0.003336296 | aBss8/18 |
| Brucellaceae | 0.000962948 | Control | 0.002574763 | aBss4 | 0.002041712 | aBss8/18 |
| Burkholderiaceae | 0.027436732 | Control | 0.002541996 | aBss4 | 0.002140345 | aBss8/18 |
| Burkholderiales | 0.020240303 | Control | 0.002090117 | aBss4 | 0.00180422 | aBss8/18 |
| Caldilineaceae | 0.000395288 | Control | 0.001970512 | aBss4 | 0.001734495 | aBss8/18 |
| Candidatus-Methyloirabilis | 0.000674334 | Control | 0.009110817 | aBss4 | 0.009383282 | aBss8/18 |
| Cardiobacteriaceae | 0.000590146 | Control | 0.001793164 | aBss4 | 0.00169818 | aBss8/18 |
| Catenulisporaceae | 0.001071078 | Control | 0.002638721 | aBss4 | 0.002121128 | aBss8/18 |
| Caulobacteraceae | 0.146956333 | Control | 0.005879112 | aBss4 | 0.004432052 | aBss8/18 |
| Cellulomonadaceae | 0.006294558 | Control | 0.006096042 | aBss4 | 0.004404374 | aBss8/18 |
| Chitinophagaceae | 0.000645463 | Control | 0.006080575 | aBss4 | 0.004423813 | aBss8/18 |
| Chlorobiaceae | 0.001325434 | Control | 0.00639811 | aBss4 | 0.004745313 | aBss8/18 |
| Chloroflexaceae | 0.000292257 | Control | 0.006986745 | aBss4 | 0.00525732 | aBss8/18 |
| Chromatiaceae | 0.003386837 | Control | 0.007969941 | aBss4 | 0.006251501 | aBss8/18 |

| FAMILIA | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra |
|---|-------------|---------|-------------|---------|-------------|----------|
| Chromobacteriaceae | 0.003629398 | Control | 0.007851383 | aBss4 | 0.006652729 | aBss8/18 |
| Chroococcales | 0.000862752 | Control | 0.005682624 | aBss4 | 0.005551821 | aBss8/18 |
| Clostridiaceae | 8.49E-05 | Control | 0.005541167 | aBss4 | 0.005628845 | aBss8/18 |
| Clostridiales | 0.000632597 | Control | 0.005606397 | aBss4 | 0.006071519 | aBss8/18 |
| Clostridiales-Family-XVII.-Incertae-Sedis | 0.001748198 | Control | 0.005648116 | aBss4 | 0.006161402 | aBss8/18 |
| Comamonadaceae | 0.041468861 | Control | 0.005541231 | aBss4 | 0.006177543 | aBss8/18 |
| Conexibacteraceae | 0.00970885 | Control | 0.004441244 | aBss4 | 0.005046934 | aBss8/18 |
| Coriobacteriaceae | 0.001948071 | Control | 0.00371986 | aBss4 | 0.004476207 | aBss8/18 |
| Corynebacteriaceae | 0.003977259 | Control | 0.005668743 | aBss4 | 0.006012704 | aBss8/18 |
| Cyclobacteriaceae | 5.21E-05 | Control | 0.005512839 | aBss4 | 0.005971755 | aBss8/18 |
| Cystobacteraceae | 0.001501696 | Control | 0.005255137 | aBss4 | 0.005329885 | aBss8/18 |
| Cytophagaceae | 0.001470769 | Control | 0.004910222 | aBss4 | 0.004961071 | aBss8/18 |
| Deinococcaceae | 0.0039653 | Control | 0.006011683 | aBss4 | 0.006090412 | aBss8/18 |
| Dermabacteraceae | 0.001107099 | Control | 0.009811415 | aBss4 | 0.009929474 | aBss8/18 |
| Dermacoccaceae | 0.002835267 | Control | 0.013060346 | aBss4 | 0.01336079 | aBss8/18 |
| Desulfarculaceae | 0.000743779 | Control | 0.010305755 | aBss4 | 0.010827499 | aBss8/18 |
| Desulfobacteraceae | 0.000272822 | Control | 0.010634404 | aBss4 | 0.011079786 | aBss8/18 |
| Desulfobulbaceae | 0.00053775 | Control | 0.010607207 | aBss4 | 0.010876585 | aBss8/18 |
| Desulfomicrobiaceae | 0.00029966 | Control | 0.010588917 | aBss4 | 0.010844743 | aBss8/18 |
| Desulfovibrionaceae | 0.002819359 | Control | 0.008950864 | aBss4 | 0.009120558 | aBss8/18 |
| Ectothiorhodospiraceae | 0.006685591 | Control | 0.005275902 | aBss4 | 0.005157657 | aBss8/18 |
| Eggerthellaceae | 0.00194063 | Control | 0.002018484 | aBss4 | 0.001490959 | aBss8/18 |
| Enterobacteriaceae | 2.06E-02 | Control | 0.00254718 | aBss4 | 0.002115734 | aBss8/18 |
| Erysipelotrichaceae | 0.000737836 | Control | 0.002989529 | aBss4 | 0.002740389 | aBss8/18 |
| Erythrobacteraceae | 0.004625788 | Control | 0.004868752 | aBss4 | 0.003847423 | aBss8/18 |
| Ferrimonadaceae | 0.000183046 | Control | 0.005325322 | aBss4 | 0.004251602 | aBss8/18 |
| Flavobacteriaceae | 0.001225283 | Control | 0.005447762 | aBss4 | 0.004369502 | aBss8/18 |
| Frankiaceae | 0.005293578 | Control | 0.005621861 | aBss4 | 0.004658637 | aBss8/18 |
| Gallionellaceae | 0.001061147 | Control | 0.005573962 | aBss4 | 0.004612764 | aBss8/18 |
| Gammaproteobacteria | 0.00023099 | Control | 0.00666069 | aBss4 | 0.005185204 | aBss8/18 |
| Gemmatimonadaceae | 0.002821463 | Control | 0.008375953 | aBss4 | 0.006198797 | aBss8/18 |
| Geobacteraceae | 0.003624426 | Control | 0.008239174 | aBss4 | 0.006468838 | aBss8/18 |
| Geodermatophilaceae | 0.011329049 | Control | 0.013827705 | aBss4 | 0.009608538 | aBss8/18 |
| Gloeobacterales | 0.001046966 | Control | 0.016793937 | aBss4 | 0.011624206 | aBss8/18 |
| Glycomycetaceae | 0.000822082 | Control | 0.02013772 | aBss4 | 0.013966306 | aBss8/18 |
| Gordoniaceae | 0.001596598 | Control | 0.0238503 | aBss4 | 0.016556356 | aBss8/18 |
| Hahellaceae | 9.31E-05 | Control | 0.027041863 | aBss4 | 0.018345059 | aBss8/18 |
| Halobacteriaceae | 0.003283519 | Control | 0.027830744 | aBss4 | 0.017920981 | aBss8/18 |
| Haloferacaceae | 0.000582479 | Control | 0.030293711 | aBss4 | 0.018310726 | aBss8/18 |

| FAMILIA | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra |
|---------------------|-------------|---------|-------------|---------|-------------|----------|
| Halomonadaceae | 0.001266979 | Control | 0.026721791 | aBss4 | 0.016575197 | aBss8/18 |
| Halothiobacillaceae | 0.00014072 | Control | 0.027588587 | aBss4 | 0.017199917 | aBss8/18 |
| Helicobacteraceae | 0.000602572 | Control | 0.024369589 | aBss4 | 0.015002409 | aBss8/18 |
| Heliobacteriaceae | 0.000763037 | Control | 0.020974018 | aBss4 | 0.012546382 | aBss8/18 |
| Hydrogenophilaceae | 0.003094512 | Control | 0.016377439 | aBss4 | 0.009931125 | aBss8/18 |
| Hyphomicrobiaceae | 0.005563503 | Control | 0.01390016 | aBss4 | 0.009244738 | aBss8/18 |
| Hyphomonadaceae | 0.001098597 | Control | 0.010527313 | aBss4 | 0.008400683 | aBss8/18 |
| Intrasporangiaceae | 0.002850482 | Control | 0.010346032 | aBss4 | 0.008794106 | aBss8/18 |
| Kineosporiaceae | 0.001743138 | Control | 0.007751321 | aBss4 | 0.007508012 | aBss8/18 |
| Kofleriaceae | 0.002055703 | Control | 0.007972139 | aBss4 | 0.00781273 | aBss8/18 |
| Lachnospiraceae | 0.080317573 | Control | 0.00759135 | aBss4 | 0.007683892 | aBss8/18 |
| Legionellaceae | 0.000114447 | Control | 0.008162904 | aBss4 | 0.008296347 | aBss8/18 |
| Leptospiraceae | 0.000101038 | Control | 0.007783654 | aBss4 | 0.007905771 | aBss8/18 |
| Leptotrichiaceae | 0.000151769 | Control | 0.007472472 | aBss4 | 0.007676389 | aBss8/18 |
| Methanocellaceae | 0.000295313 | Control | 0.005579345 | aBss4 | 0.005844247 | aBss8/18 |
| Methanomicrobiaceae | 0.000521267 | Control | 0.005298991 | aBss4 | 0.005502595 | aBss8/18 |
| Methanosaetaceae | 0.000158763 | Control | 0.004924858 | aBss4 | 0.005229235 | aBss8/18 |
| Methylobacteriaceae | 0.01420176 | Control | 0.004957985 | aBss4 | 0.005228068 | aBss8/18 |
| Methylococcaceae | 0.001044033 | Control | 0.004555341 | aBss4 | 0.004682617 | aBss8/18 |
| Methylocystaceae | 0.001334705 | Control | 0.004491702 | aBss4 | 0.00462688 | aBss8/18 |
| Methylophilaceae | 0.000411564 | Control | 0.004197914 | aBss4 | 0.004280917 | aBss8/18 |
| Microbacteriaceae | 0.011323808 | Control | 0.004478624 | aBss4 | 0.00464955 | aBss8/18 |
| Micrococcaceae | 0.012792989 | Control | 0.004303254 | aBss4 | 0.004416347 | aBss8/18 |
| Micromonosporaceae | 0.010684584 | Control | 0.005017304 | aBss4 | 0.005033693 | aBss8/18 |
| Moraxellaceae | 0.007592495 | Control | 0.005531161 | aBss4 | 0.005547394 | aBss8/18 |
| Mycobacteriaceae | 0.01187632 | Control | 0.005489539 | aBss4 | 0.005645344 | aBss8/18 |
| Myxococcaceae | 0.005327919 | Control | 0.007327035 | aBss4 | 0.007537968 | aBss8/18 |
| Nakamurellaceae | 0.001205182 | Control | 0.007579395 | aBss4 | 0.007789747 | aBss8/18 |
| Natrialbaceae | 0.005736088 | Control | 0.008575282 | aBss4 | 0.008942472 | aBss8/18 |
| Nautiliaceae | 0.000278404 | Control | 0.008488026 | aBss4 | 0.009006066 | aBss8/18 |
| Neisseriaceae | 0.000787872 | Control | 0.009184953 | aBss4 | 0.010000257 | aBss8/18 |
| Nitrosomonadaceae | 0.012780326 | Control | 0.007296283 | aBss4 | 0.008147866 | aBss8/18 |
| Nitrososphaeraceae | 0.000632389 | Control | 0.009701359 | aBss4 | 0.011798938 | aBss8/18 |
| Nitrospiraceae | 0.000668071 | Control | 0.01477684 | aBss4 | 0.018235878 | aBss8/18 |
| Nocardiaceae | 0.005966917 | Control | 0.021307103 | aBss4 | 0.026370638 | aBss8/18 |
| Nocardioidaceae | 0.0171635 | Control | 0.019644392 | aBss4 | 0.02460789 | aBss8/18 |
| Nocardiopsaceae | 0.002208971 | Control | 0.019555374 | aBss4 | 0.024477363 | aBss8/18 |
| Opitutaceae | 0.001701268 | Control | 0.018309835 | aBss4 | 0.022880802 | aBss8/18 |
| Oscillatoriales | 3.96E-04 | Control | 0.018153211 | aBss4 | 0.022773641 | aBss8/18 |
| Oxalobacteraceae | 0.009031731 | Control | 0.013846187 | aBss4 | 0.017231869 | aBss8/18 |

| FAMILIA | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra |
|-----------------------|-------------|---------|-------------|---------|-------------|----------|
| Paenibacillaceae | 0.001863805 | Control | 0.009839038 | aBss4 | 0.01141044 | aBss8/18 |
| Parvularculaceae | 0.00017228 | Control | 0.00351543 | aBss4 | 0.003634262 | aBss8/18 |
| Pelobacteraceae | 0.000665386 | Control | 0.132704045 | aBss4 | 0.165783408 | aBss8/18 |
| Peptococcaceae | 0.00026337 | Control | 0.134576241 | aBss4 | 0.168358687 | aBss8/18 |
| Phycisphaeraceae | 0.0020104 | Control | 0.136677601 | aBss4 | 0.17075133 | aBss8/18 |
| Phyllobacteriaceae | 0.010743586 | Control | 0.139166424 | aBss4 | 0.172886777 | aBss8/18 |
| Planctomycetaceae | 0.003071395 | Control | 0.140996288 | aBss4 | 0.174843962 | aBss8/18 |
| Pleurocapsales | 5.01E-05 | Control | 0.146100917 | aBss4 | 0.181152969 | aBss8/18 |
| Polyangiaceae | 0.002479126 | Control | 0.147852375 | aBss4 | 0.181861684 | aBss8/18 |
| Porphyromonadaceae | 9.89E-05 | Control | 0.020959113 | aBss4 | 0.020679949 | aBss8/18 |
| Prevotellaceae | 0.000145537 | Control | 0.020572765 | aBss4 | 0.018586427 | aBss8/18 |
| Promicromonosporaceae | 0.00515317 | Control | 0.018322067 | aBss4 | 0.016209091 | aBss8/18 |
| Propionibacteriaceae | 0.004374172 | Control | 0.016158588 | aBss4 | 0.01478934 | aBss8/18 |
| Pseudomonadaceae | 0.029271253 | Control | 0.014607539 | aBss4 | 0.013146338 | aBss8/18 |
| Pseudonocardiaceae | 0.014468447 | Control | 0.00884375 | aBss4 | 0.006691568 | aBss8/18 |
| Rhizobiaceae | 0.0207091 | Control | 0.007042908 | aBss4 | 0.005839551 | aBss8/18 |
| Rhodobacteraceae | 0.007093081 | Control | 0.004472906 | aBss4 | 0.004533048 | aBss8/18 |
| Rhodobiaceae | 0.001316232 | Control | 0.002536445 | aBss4 | 0.003530993 | aBss8/18 |
| Rhodocyclaceae | 0.012097012 | Control | 0.003574215 | aBss4 | 0.00468439 | aBss8/18 |
| Rhodospirillaceae | 0.015194735 | Control | 0.003538894 | aBss4 | 0.004182583 | aBss8/18 |
| Rhodothermaceae | 0.002121788 | Control | 0.004560288 | aBss4 | 0.005214138 | aBss8/18 |
| Rikenellaceae | 0.000791135 | Control | 0.005217415 | aBss4 | 0.006096158 | aBss8/18 |
| Roseiflexaceae | 0.000729588 | Control | 0.005484787 | aBss4 | 0.006425929 | aBss8/18 |
| Rubrobacteraceae | 0.00828429 | Control | 0.006778977 | aBss4 | 0.008034827 | aBss8/18 |
| Ruminococcaceae | 0.001232765 | Control | 0.007390539 | aBss4 | 0.008525723 | aBss8/18 |
| Sanguibacteraceae | 0.001564585 | Control | 0.006296683 | aBss4 | 0.007192002 | aBss8/18 |
| Saprospiraceae | 7.22E-05 | Control | 0.0058048 | aBss4 | 0.006675732 | aBss8/18 |
| Segniliparaceae | 0.000820306 | Control | 0.004503739 | aBss4 | 0.005252163 | aBss8/18 |
| Shewanellaceae | 0.0001027 | Control | 0.003697828 | aBss4 | 0.004224189 | aBss8/18 |
| Solibacteraceae | 0.001347163 | Control | 0.005018932 | aBss4 | 0.005347043 | aBss8/18 |
| Sphaerobacteraceae | 0.002924049 | Control | 0.005318786 | aBss4 | 0.005575589 | aBss8/18 |
| Sphingobacteriaceae | 0.000541243 | Control | 0.006472528 | aBss4 | 0.00720175 | aBss8/18 |
| Sphingomonadaceae | 0.061442718 | Control | 0.006855656 | aBss4 | 0.007662884 | aBss8/18 |
| Spirochaetaceae | 0.000221167 | Control | 0.007861465 | aBss4 | 0.008829287 | aBss8/18 |
| Streptomycetaceae | 0.020533495 | Control | 0.008809092 | aBss4 | 0.010041462 | aBss8/18 |
| Streptosporangiaceae | 0.001509469 | Control | 0.010958478 | aBss4 | 0.012377054 | aBss8/18 |
| Sulfuricellaceae | 0.000495368 | Control | 0.009291048 | aBss4 | 0.010879749 | aBss8/18 |
| Sutterellaceae | 0.001507886 | Control | 0.008100486 | aBss4 | 0.009417866 | aBss8/18 |
| Symbiobacteriaceae | 0.001377638 | Control | 0.006966487 | aBss4 | 0.007807367 | aBss8/18 |
| Synergistaceae | 0.000974868 | Control | 0.007847992 | aBss4 | 0.00838431 | aBss8/18 |

| FAMILIA | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra | Frecuencia | Muestra |
|----------------------|-------------|---------|-------------|---------|-------------|----------|
| Syntrophobacteraceae | 0.000272437 | Control | 0.007991941 | aBss4 | 0.008421095 | aBss8/18 |
| Thermaceae | 0.004392608 | Control | 0.008093965 | aBss4 | 0.00844154 | aBss8/18 |
| Thermobaculum | 0.000226361 | Control | 0.008452757 | aBss4 | 0.008676676 | aBss8/18 |
| Thermomicrobiaceae | 0.000733566 | Control | 0.015873311 | aBss4 | 0.019177047 | aBss8/18 |
| Thermomonosporaceae | 0.001761336 | Control | 0.016128791 | aBss4 | 0.019412952 | aBss8/18 |
| Trueperaceae | 0.000945193 | Control | 0.023934645 | aBss4 | 0.027386195 | aBss8/18 |
| Tsukamurellaceae | 0.000691148 | Control | 0.024243408 | aBss4 | 0.027860231 | aBss8/18 |
| Veillonellaceae | 0.003059959 | Control | 0.036127289 | aBss4 | 0.031993495 | aBss8/18 |
| Xanthobacteraceae | 0.008696202 | Control | 0.035225285 | aBss4 | 0.031040474 | aBss8/18 |
| Xanthomonadaceae | 0.049164018 | Control | 0.034298148 | aBss4 | 0.029919146 | aBss8/18 |

Anexo 4. Análisis basado en Stekel *et al.*, 2000 aplicado a los datos filtrados y normalizados. (53 OTUs representativos)

| Taxonomía | R | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|--|-------------|---------|--------|----------|
| <i>Acinetobacter baumannii</i> | 462.9137488 | 2263 | 1578 | 4284 |
| <i>Acinetobacter sp. ADP1</i> | 396.449452 | 1090 | 3037 | 1034 |
| <i>Acinetobacter calcoaceticus</i> | 1208.653692 | 23086 | 21777 | 30198 |
| <i>Acinetobacter oleivorans</i> | 585.4088761 | 12934 | 3997 | 7368 |
| <i>Acinetobacter pittii</i> | 2634.828381 | 1952 | 972 | 9332 |
| <i>Anaerostipes hadrus</i> | 2999.062702 | 465898 | 338030 | 399684 |
| <i>Arthrobacter chlorophenolicus</i> | 875.9883651 | 16388 | 10446 | 4178 |
| <i>Arthrobacter phenanthrenivorans</i> | 1200.395286 | 19703 | 12898 | 4639 |
| <i>Arthrobacter sp. FB24</i> | 573.8398146 | 11826 | 7853 | 3250 |
| <i>Blastococcus saxosidens</i> | 711.5167006 | 21894 | 13715 | 7247 |
| <i>Bradyrhizobium sp. S23321</i> | 452.5153078 | 22463 | 23179 | 13740 |
| <i>Bradyrhizobium diazoefficiens</i> | 645.1158701 | 24753 | 26501 | 14749 |
| <i>Brevundimonas diminuta</i> | 4512.704088 | 760456 | 556601 | 649151 |
| <i>Cellulomonas fimi</i> | 370.8098926 | 13982 | 11732 | 5867 |
| <i>Chryseobacterium gleum</i> | 1332.436008 | 2531 | 8964 | 5418 |
| <i>Clavibacter michiganensis</i> | 1417.0945 | 23700 | 16486 | 5830 |
| <i>Conexibacter woesei</i> | 3099.592127 | 56409 | 57209 | 21537 |
| <i>Dyadobacter fermentans</i> | 412.7148216 | 5675 | 5455 | 8147 |
| <i>Erythrobacter litoralis</i> | 942.1823028 | 26876 | 14451 | 26079 |
| <i>Escherichia coli</i> | 11156.02389 | 60997 | 111312 | 113814 |
| <i>Geodermatophilus obscurus</i> | 848.2524687 | 23960 | 16173 | 7797 |
| <i>Helicobacter pylori</i> | 701.8093653 | 3501 | 3466 | 7124 |
| <i>Illumatobacter coccineus</i> | 367.8400471 | 18781 | 17862 | 10063 |
| <i>Intrasporangium calvum</i> | 859.1742497 | 16562 | 14763 | 5501 |
| <i>Isoptericola variabilis</i> | 404.9828897 | 18675 | 15326 | 8196 |

| Taxonomía | R | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|--|-------------|----------------|--------------|-----------------|
| <i>Kribbella flavida</i> | 385.1743402 | 16391 | 13088 | 6859 |
| <i>Leifsonia xyli</i> | 972.9125432 | 13007 | 8311 | 2567 |
| <i>Microbacterium testaceum</i> | 2623.214405 | 29085 | 26268 | 6575 |
| <i>Modestobacter marinus</i> | 653.6357041 | 19969 | 15223 | 7168 |
| <i>Mycobacterium smegmatis</i> | 933.1177913 | 7065 | 11349 | 3745 |
| <i>Nitrobacter hamburgensis</i> | 1937.005014 | 29925 | 14653 | 6477 |
| <i>Nitrobacter winogradskyi</i> | 3594.882454 | 42241 | 18639 | 7114 |
| <i>Nitrosospira multiformis</i> | 7614.733926 | 74255 | 13847 | 19715 |
| <i>Nocardioides sp. JS614</i> | 3615.441665 | 66049 | 49783 | 18147 |
| <i>Novosphingobium sp. PP1Y</i> | 544.410311 | 20806 | 11619 | 19217 |
| <i>Novosphingobium aromaticivorans</i> | 854.1818989 | 29847 | 16508 | 27994 |
| <i>Pantoea vagans</i> | 367.6036236 | 4881 | 4419 | 1291 |
| <i>Pseudomonas monteilii</i> | 7942.424672 | 69210 | 22591 | 8745 |
| <i>Pseudomonas putida</i> | 3323.357129 | 21550 | 26645 | 4742 |
| <i>Pseudoxanthomonas suwonensis</i> | 713.8459591 | 63361 | 33898 | 31688 |
| <i>Ramlibacter tataouinensis</i> | 1374.921121 | 93974 | 44387 | 54191 |
| <i>Rhodanobacter denitrificans</i> | 6564.539021 | 86138 | 28736 | 19081 |
| <i>Rhodococcus erythropolis</i> | 524.9217172 | 2381 | 4786 | 1374 |
| <i>Rubrobacter xylanophilus</i> | 3193.62523 | 48132 | 49040 | 16466 |
| <i>Sphingobium chlorophenolicum</i> | 488.9614864 | 19745 | 10976 | 17943 |
| <i>Sphingobium japonicum</i> | 662.3513922 | 34928 | 19036 | 29347 |
| <i>Sphingobium sp. SYK 6</i> | 810.5540108 | 27027 | 16086 | 26793 |
| <i>Sphingobium yanoikuyae</i> | 846.526566 | 29781 | 17160 | 28615 |
| <i>Sphingomonas sp. MM 1</i> | 2051.385318 | 56661 | 30542 | 55541 |
| <i>Sphingomonas wittichii</i> | 3556.941737 | 85139 | 45634 | 86489 |
| <i>Sphingopyxis alaskensis</i> | 931.5818717 | 53054 | 37847 | 51792 |
| <i>Streptomyces coelicolor</i> | 381.4935638 | 8717 | 8140 | 3348 |
| <i>Streptomyces sp. PAMC26508</i> | 438.208284 | 6966 | 6250 | 2073 |

Anexo 5. Datos filtrados y normalizados de la diversidad bacteriana.

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|------|-------|--|
| 1 | 154 | 121 | 109 | Archaea;Euryarchaeota;Methanomicrobia;Methanomicrobiales;Methanomicrobiaceae;Methanoculleus;Methanoculleus-marisnigri |
| 2 | 86 | 71 | 69 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Dickeya;Dickeya-dadantii |
| 3 | 145 | 101 | 172 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Moraxellaceae;Acinetobacter;Acinetobacter-sp. |
| 4 | 310 | 224 | 256 | Chlorobi;Chlorobia;Chlorobiales;Chlorobiaceae;Chlorobaculum;Chlorobaculum-tepidum |
| 5 | 223 | 197 | 183 | Actinobacteria;Coriobacterii;Eggerthellales;Eggerthellaceae;Adlercreutzia;Adlercreutzia-equolifaciens |
| 6 | 333 | 325 | 699 | Proteobacteria;Epsilonproteobacteria;Campylobacteriales;Helicobacteraceae;Helicobacter;Helicobacter-pylori |
| 7 | 98 | 93 | 159 | Bacteroidetes;Sphingobacterii;Sphingobacteriales;Chitinophagaceae;Chitinophaga;Chitinophaga-pinensis |
| 8 | 578 | 400 | 424 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-aeruginosa |
| 9 | 673 | 1064 | 368 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-smegmatis |
| 10 | 28 | 17 | 32 | Cyanobacteria;Cyanobacteria;Pleurocapsales;Pleurocapsales;Chroococcidiopsis;Chroococcidiopsis-thermalis |
| 11 | 29 | 20 | 33 | Bacteroidetes;Cytophagia;Cytophagales;Cyclobacteriaceae;Echinicola;Echinicola-vietnamensis |
| 12 | 31 | 21 | 28 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Paenibacillaceae;Paenibacillus;Paenibacillus-sp.-JDR-2 |
| 13 | 37 | 27 | 41 | Bacteroidetes;Sphingobacterii;Sphingobacteriales;Sphingobacteriaceae;Sphingobacterium;Sphingobacterium-sp.-21 |
| 14 | 38 | 32 | 45 | Bacteroidetes;Sphingobacterii;Sphingobacteriales;Sphingobacteriaceae;Pseudopedobacter;Pseudopedobacter-saltans |
| 15 | 39 | 54 | 6 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Bacillaceae;Bacillus;Bacillus-megaterium |
| 16 | 40 | 28 | 44 | Bacteroidetes;Sphingobacterii;Sphingobacteriales;Saprospiraceae;Haliscomenobacter;Haliscomenobacter-hydrossis |
| 17 | 41 | 30 | 51 | Bacteroidetes;Cytophagia;Cytophagales;Cytophagaceae;Cytophaga;Cytophaga-hutchinsonii |
| 18 | 41 | 98 | 12 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Bacillales;Exiguobacterium;Exiguobacterium-sibiricum |
| 19 | 44 | 31 | 46 | Bacteroidetes;Sphingobacterii;Sphingobacteriales;Sphingobacteriaceae;Solitalea;Solitalea-canadensis |
| 20 | 45 | 42 | 54 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfovibrionales;Desulfovibrionaceae;Desulfovibrio;Desulfovibrio-hydrothermalis |
| 21 | 46 | 32 | 31 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Pseudovibrio;Pseudovibrio-sp.-FO-BEG1 |
| 22 | 46 | 23 | 33 | Cyanobacteria;Cyanobacteria;Oscillatoriales;Oscillatoriales;Oscillatoria;Oscillatoria-nigro-viridis |
| 23 | 47 | 38 | 52 | Bacteroidetes;Cytophagia;Cytophagales;Cytophagaceae;Runella;Runella-slitthyformis |
| 24 | 47 | 33 | 47 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Clostridiaceae;Clostridium;Clostridium-botulinum |
| 25 | 47 | 33 | 36 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Paenibacillaceae;Paenibacillus;Paenibacillus-sp.-Y412MC10 |
| 26 | 48 | 32 | 45 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Dickeya;Dickeya-zeae |
| 27 | 48 | 33 | 37 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Erwinia;Erwinia-billingiae |
| 28 | 48 | 33 | 37 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Methylococcales;Methylococcaceae;Methylomonas;Methylomonas-methanica |
| 29 | 52 | 35 | 42 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Oceanospirillales;Hahellaceae;Hahella;Hahella-chejuensis |
| 30 | 54 | 45 | 45 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Raoutella;Raoutella-ornithinolytica |
| 31 | 54 | 42 | 38 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacter;Enterobacter-sp.-R4-368 |
| 32 | 55 | 38 | 64 | Bacteroidetes;Bacteroidia;Bacteroidales;Porphyromonadaceae;Barnesiella;Barnesiella-intestinihominis |
| 33 | 55 | 49 | 44 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Yokenella;Yokenella-regensburgi |
| 34 | 56 | 49 | 55 | Spirochaetes;Spirochaetia;Spirochaetia;Leptospiraceae;Turneriella;Turneriella-parva |
| 35 | 56 | 43 | 39 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacteriaceae-bacterium-strain-FGI-57 |
| 36 | 57 | 44 | 55 | Actinobacteria;Coriobacterii;Eggerthellales;Eggerthellaceae;Eggerthella;Eggerthella-sp.-YY7918 |
| 37 | 57 | 45 | 42 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Alteromonadales;Shewanellaceae;Shewanella;Shewanella-loihica |
| 38 | 57 | 175 | 47 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Advenella;Advenella-kashmirensis |
| 39 | 58 | 45 | 41 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfobacterales;Desulfobacteraceae;Desulfatibacillum;Desulfatibacillum-alkenivorans |
| 40 | 58 | 48 | 58 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Methylococcales;Methylococcaceae;Methylomicrobium;Methylomicrobium-alkaliphilum |
| 41 | 59 | 43 | 59 | Bacteroidetes;Cytophagia;Cytophagales;Cytophagaceae;Spirosoma;Spirosoma-linguale |
| 42 | 59 | 47 | 58 | Bacteroidetes;Flavobacterii;Flavobacteriales;Flavobacteriaceae;Robiginitalea;Robiginitalea-biformata |
| 43 | 60 | 77 | 54 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Serratia;Serratia-odorifera |
| 44 | 60 | 43 | 39 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Citrobacter;Citrobacter-koseri |
| 45 | 61 | 46 | 47 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Citrobacter;Citrobacter-rodentium |
| 46 | 61 | 50 | 50 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Paenibacillaceae;Paenibacillus;Paenibacillus-sp.-HGF7 |
| 47 | 61 | 51 | 47 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacter;Enterobacter-aerogenes |
| 48 | 61 | 45 | 48 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Ruminococcaceae;Subdoligranulum;Subdoligranulum-sp.-4_3_54A2FAA |
| 49 | 62 | 73 | 39 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Cellvibrio;Cellvibrio-japonicus |
| 50 | 62 | 52 | 58 | Archaea;Euryarchaeota;Methanomicrobia;Methanocellales;Methanocellaceae;Methanocella;Methanocella-arvoryzae |
| 51 | 63 | 48 | 60 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Alicyclobacillaceae;Kyrpidia;Kyrpidia-tusciae |
| 52 | 63 | 40 | 47 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Legionellales;Legionellaceae;Legionella;Legionella-longbeachae |
| 53 | 64 | 57 | 35 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-indicus-pranii |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-----|-------|--|
| 54 | 64 | 110 | 38 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Serratia;Serratia-proteamaculans |
| 55 | 64 | 58 | 48 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Halobacteriales;Halobacteriaceae;Haloarcula;Haloarcula-hispanica |
| 56 | 65 | 46 | 55 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Pantoea;Pantoea-sp.-At-9b |
| 57 | 67 | 45 | 47 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Roseobacter;Roseobacter-litoralis |
| 58 | 68 | 48 | 53 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Escherichia;Escherichia-sp.-3_2_53FAA |
| 59 | 69 | 46 | 47 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Klebsiella;Klebsiella-varicola |
| 60 | 71 | 57 | 62 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfobacteriales;Desulfobacteriaceae;Desulfobacterium;Desulfobacterium-sp. |
| 61 | 71 | 50 | 55 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Bacillaceae;Geobacillus;Geobacillus-sp.-Y412MC61 |
| 62 | 72 | 59 | 50 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialba;Natrialbaceae;Natronobacterium;Natronobacterium-gregoryi |
| 63 | 72 | 56 | 49 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Lachnospiraceae;Lachnoclostridium;[Clostridium]-asparagiforme |
| 64 | 72 | 53 | 55 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Aeromonadales;Aeromonadaceae;Aeromonas;Aeromonas-salmonicida |
| 65 | 74 | 50 | 47 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Klebsiella;Klebsiella-pneumoniae |
| 66 | 76 | 55 | 61 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Alteromonadales;Alteromonadaceae;Marinobacter;Marinobacter-adhaerens |
| 67 | 76 | 62 | 84 | Bacteroidetes;Sphingobacteriia;Sphingobacteriales;Sphingobacteriaceae;Sphingobacterium;Sphingobacterium-spiritivorum |
| 68 | 76 | 56 | 67 | Chloroflexi;Chloroflexia;Chloroflexales;Chloroflexaceae;Chloroflexus;Chloroflexus-sp.-Y-400-fl |
| 69 | 76 | 55 | 62 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Paenibacillaceae;Paenibacillus;Paenibacillus-sp.-oral-taxon-786 |
| 70 | 78 | 56 | 74 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Halothiobacillaceae;Halothiobacillus;Halothiobacillus-neapolitanus |
| 71 | 79 | 63 | 74 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Pelobacteraceae;Pelobacter;Pelobacter-carbinolicus |
| 72 | 79 | 51 | 59 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Bacillaceae;Geobacillus;Geobacillus-sp.-JF8 |
| 73 | 79 | 55 | 64 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Cronobacter;Cronobacter-sakazakii |
| 74 | 81 | 54 | 72 | Bacteroidetes;Bacteroidia;Bacteroidales;Prevotellaceae;Prevotella;Prevotella-dentalis |
| 75 | 81 | 50 | 69 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Ruminococcaceae;Ruminiclostridium;[Clostridium]-leptum |
| 76 | 82 | 61 | 67 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Geobacteraceae;Geobacter;Geobacter-lovleyi |
| 77 | 82 | 68 | 89 | Bacteroidetes;Bacteroidia;Bacteroidales;Rikenellaceae;Alistipes;Alistipes-putredinis |
| 78 | 83 | 69 | 81 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Methylophilales;Methylophilaceae;Methylovorus;Methylovorus-sp.-MP688 |
| 79 | 83 | 54 | 62 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Ruminococcaceae;Anaerotruncus;Anaerotruncus-colliformis |
| 80 | 84 | 60 | 83 | Fusobacteria;Fusobacteriia;Fusobacteriales;Leptotrichiaceae;Leptotrichia;Leptotrichia-hofstadii |
| 81 | 85 | 72 | 45 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-marinum |
| 82 | 85 | 65 | 64 | Chloroflexi;Chloroflexia;Chloroflexales;Chloroflexaceae;Chloroflexus;Chloroflexus-aggregans |
| 83 | 86 | 63 | 60 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Pandoraea;Pandoraea-pnomenusa |
| 84 | 86 | 69 | 64 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Oxalobacteraceae;Janthinobacterium;Janthinobacterium-sp.-Marseille |
| 85 | 86 | 58 | 72 | Chloroflexi;Anaerolineae;Anaerolineales;Anaerolineaceae;Anaerolinea;Anaerolinea-thermophila |
| 86 | 88 | 65 | 84 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Ruminococcaceae;Subdoligranulum;Subdoligranulum-variabile |
| 87 | 88 | 78 | 68 | Archaea;Euryarchaeota;Methanomicrobium;Methanosarcinales;Methanosarcinaceae;Methanosarcina;Methanosarcina-harundinacea |
| 88 | 88 | 66 | 67 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Halobacteriales;Halobacteriaceae;Halorhabdus;Halorhabdus-utahensis |
| 89 | 88 | 67 | 72 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Geobacteraceae;Geobacter;Geobacter-daltonii |
| 90 | 88 | 70 | 66 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacteriaceae;Plautia-stali-symbiont |
| 91 | 89 | 67 | 58 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Roseobacter;Roseobacter-denitrificans |
| 92 | 89 | 70 | 65 | Planctomycetes;Planctomycetia;Planctomycetales;Planctomycetaceae;Planctopirus;Planctopirus-limnophila |
| 93 | 90 | 60 | 72 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Lautropia;Lautropia-mirabilis |
| 94 | 90 | 67 | 61 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialba;Natrialbaceae;Natrialba;Natrialba-magadii |
| 95 | 90 | 55 | 46 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacter;Enterobacter-sp.-638 |
| 96 | 91 | 71 | 72 | Bacteroidetes;Bacteroidia;Bacteroidales;Rikenellaceae;Alistipes;Alistipes-indistinctus |
| 97 | 91 | 75 | 83 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Acidithiobacillales;Acidithiobacillaceae;Acidithiobacillus;Acidithiobacillus-ferrooxidans |
| 98 | 91 | 65 | 86 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Alteromonadales;Alteromonadaceae;Marinobacter;Marinobacter-hydrocarbonoclasticus |
| 99 | 93 | 72 | 80 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfobacteriales;Desulfobacteriaceae;Desulfococcus;Desulfococcus-oleovorans |
| 100 | 94 | 76 | 81 | Actinobacteria;Coriobacteriia;Coriobacteriales;Coriobacteriaceae;Collinsella;Collinsella-tanakaei |
| 101 | 95 | 82 | 61 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Halobacteriales;Halobacteriaceae;Halalkalicoccus;Halalkalicoccus-jeotgali |
| 102 | 95 | 70 | 80 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Parvularculales;Parvularculaceae;Parvularcula;Parvularcula-bermudensis |
| 103 | 96 | 70 | 79 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Siccobacter;Siccobacter-turicensis |
| 104 | 96 | 88 | 58 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomycetes;Actinomycetes-viscosus |
| 105 | 97 | 71 | 79 | Planctomycetes;Planctomycetia;Planctomycetales;Planctomycetaceae;Rhodopirellula;Rhodopirellula-baltica |
| 106 | 97 | 78 | 70 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Ruminococcaceae;Faecalibacterium;Faecalibacterium-prausnitzii |
| 107 | 99 | 78 | 85 | Firmicutes;Negativicutes;Selenomonadales;Veillonellaceae;Selenomonas;Selenomonas-infelix |
| 108 | 100 | 72 | 83 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Phaeobacter;Phaeobacter-inhibens |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-----|-------|--|
| 109 | 101 | 78 | 79 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Edwardsiella;Edwardsiella-piscicida |
| 110 | 101 | 77 | 74 | Archaea;Euryarchaeota;Methanomicrobia;Methanocellales;Methanocellaceae;Methanocella;Methanocella-paludicola |
| 111 | 101 | 81 | 71 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialbales;Natrialbaceae;Natriinema;Natriinema-sp.-J7-2 |
| 112 | 101 | 69 | 90 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Alteromonadales;Ferrimonadaceae;Ferrimonas;Ferrimonas-balearica |
| 113 | 101 | 63 | 101 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Sutterellaceae;Parasutterella;Parasutterella-excrementihominis |
| 114 | 102 | 73 | 82 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Aeromonadales;Aeromonadaceae;Aeromonas;Aeromonas-veronii |
| 115 | 102 | 92 | 55 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-ulcerans |
| 116 | 103 | 80 | 82 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Ruminococcaceae;Ethanolgenens;Ethanolgenens-harbinense |
| 117 | 103 | 92 | 83 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Thermales;Thermaceae;Thermus;Thermus-oshimai |
| 118 | 104 | 285 | 102 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Moraxellaceae;Acinetobacter;Acinetobacter-sp.-ADP1 |
| 119 | 104 | 84 | 65 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Amycolicoccus;Amycolicoccus-subflavus |
| 120 | 105 | 85 | 119 | Bacteroidetes;Sphingobacterii;Sphingobacteriales;Sphingobacteriaceae;Pedobacter;Pedobacter-heparinus |
| 121 | 105 | 60 | 92 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Gallionellales;Gallionellaceae;Gallionella;Gallionella-capsiferiformans |
| 122 | 106 | 86 | 76 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Halobacteriales;Halobacteriaceae;Halorhabdus;Halorhabdus-tiamatea |
| 123 | 106 | 97 | 59 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-sp.-MOTT36Y |
| 124 | 108 | 69 | 115 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Neisseriales;Neisseriaceae;Neisseria;Neisseria-meningitidis |
| 125 | 109 | 100 | 66 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-intracellulare |
| 126 | 110 | 71 | 88 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Acetobacteraceae;Komagataeibacter;Komagataeibacter-medellinensis |
| 127 | 110 | 70 | 88 | Cyanobacteria;Cyanobacteria;Chroococcales;Chroococcales;Synechococcus;Synechococcus-sp.-RCC307 |
| 128 | 111 | 82 | 64 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Halobacteriales;Halobacteriaceae;Natronomonas;Natronomonas-moolapensis |
| 129 | 112 | 85 | 93 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfovibrionales;Desulfovibrionaceae;Bilophila;Bilophila-wadsworthia |
| 130 | 113 | 82 | 81 | Actinobacteria;Coriobacterii;Eggerthellales;Eggerthellaceae;Slackia;Slackia-heliotrinireducens |
| 131 | 115 | 88 | 80 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococcaceae;Rothia;Rothia-mucilaginos |
| 132 | 119 | 100 | 102 | Actinobacteria;Actinobacteria;Bifidobacteriales;Bifidobacteriaceae;Bifidobacterium;Bifidobacterium-animalis |
| 133 | 120 | 26 | 24 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Moraxellaceae;Acinetobacter;Acinetobacter-johnsonii |
| 134 | 122 | 105 | 92 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Haloferracales;Haloferracaceae;Halorubrum;Halorubrum-lacusprofundi |
| 135 | 122 | 100 | 110 | Spirochaetes;Spirochaetia;Spirochaetales;Spirochaetaceae;Spirochaeta;Spirochaeta-thermophila |
| 136 | 123 | 99 | 79 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-pseudogenitalium |
| 137 | 124 | 80 | 100 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Acidithiobacillales;Acidithiobacillaceae;Acidithiobacillus;Acidithiobacillus-caldus |
| 138 | 125 | 101 | 70 | n;n;Thermobaculum;Thermobaculum;Thermobaculum;Thermobaculum-terrenum |
| 139 | 126 | 112 | 122 | Bacteroidetes;Bacteroidia;Bacteroidales;Rikenellaceae;Alistipes;Alistipes-finegoldii |
| 140 | 127 | 116 | 104 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Halobacteriales;Halobacteriaceae;Halomicrobium;Halomicrobium-mukohataei |
| 141 | 127 | 103 | 125 | Bacteroidetes;Cytophagia;Cytophagales;Cytophagaceae;Fibrella;Fibrella-aestuarina |
| 142 | 127 | 88 | 96 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-mallei |
| 143 | 128 | 97 | 105 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Gammaproteobacteria;Gammaproteobacteria;Simidiua;Simidiua-agarivorans |
| 144 | 128 | 117 | 85 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-jeikeium |
| 145 | 129 | 113 | 92 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialbales;Natrialbaceae;Natriinema;Natriinema-pellirubrum |
| 146 | 129 | 97 | 104 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfobacteriales;Desulfobulbaceae;Desulfurivibrio;Desulfurivibrio-alkaliphilus |
| 147 | 129 | 103 | 92 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Thermales;Thermaceae;Thermus;Thermus-scotoductus |
| 148 | 130 | 93 | 92 | Synergistetes;Synergistia;Synergistales;Synergistaceae;Synergistes;Synergistes-sp.-3_1_syn1 |
| 149 | 131 | 100 | 95 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialbales;Natrialbaceae;Halovivax;Halovivax-ruber |
| 150 | 132 | 101 | 96 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-sp.-CCGE1001 |
| 151 | 134 | 98 | 108 | Archaea;Euryarchaeota;Methanomicrobia;Methanomicrobiales;Methanomicrobiaceae;Methanoculleus;Methanoculleus-bourgensis |
| 152 | 134 | 92 | 93 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Ruegeria;Ruegeria-sp.-TM1040 |
| 153 | 135 | 98 | 94 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Clostridiales;Flavonifractor;Flavonifractor-plautii |
| 154 | 135 | 99 | 114 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Acetobacteraceae;Granulibacter;Granulibacter-bethesdensis |
| 155 | 136 | 84 | 55 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococcaceae;Arthrobacter;Arthrobacter-arilaitensis |
| 156 | 136 | 115 | 123 | Firmicutes;Negativicutes;Selenomonadales;Veillonellaceae;Selenomonas;Selenomonas-noxia |
| 157 | 136 | 127 | 87 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-tuberculosis |
| 158 | 137 | 95 | 126 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Candidatus-Symbiobacter;Candidatus-Symbiobacter-mobilis |
| 159 | 138 | 120 | 81 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-urealyticum |
| 160 | 139 | 104 | 118 | Bacteroidetes;Bacteroidia;Bacteroidales;Rikenellaceae;Alistipes;Alistipes-shahii |
| 161 | 145 | 116 | 135 | Firmicutes;Negativicutes;Selenomonadales;Veillonellaceae;Selenomonas;Selenomonas-sp.-oral-taxon-149 |
| 162 | 145 | 258 | 93 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Serratia;Serratia-plymuthica |
| 163 | 145 | 107 | 128 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Methylophilales;Methylophilaceae;Methylobacillus;Methylobacillus-flagellatus |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-----|-------|--|
| 164 | 145 | 133 | 38 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-pratensis |
| 165 | 145 | 78 | 97 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Neisseriales;Neisseriaceae;Neisseria;Neisseria-shayegani |
| 166 | 146 | 124 | 120 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Peptococcaceae;Candidatus-Desulforudis;Candidatus-Desulforudis-audaxviator |
| 167 | 146 | 103 | 106 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Paracoccus;Paracoccus-aminophilus |
| 168 | 150 | 119 | 107 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialbales;Natrialbaeaceae;Haloterrigena;Haloterrigena-turkmenica |
| 169 | 151 | 119 | 117 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Syntrophobacterales;Syntrophobacteraceae;Syntrophobacter;Syntrophobacter-fumaroxidans |
| 170 | 151 | 113 | 94 | Actinobacteria;Actinobacteria;Bifidobacteriales;Bifidobacteriaceae;Bifidobacterium;Bifidobacterium-longum |
| 171 | 152 | 126 | 117 | Actinobacteria;Coriobacterii;Coriobacteriales;Coriobacteriaceae;Coriobacterium;Coriobacterium-glomerans |
| 172 | 152 | 121 | 109 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomyces;Actinomyces-sp.-oral-taxon-180 |
| 173 | 153 | 120 | 106 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Thermales;Thermaceae;Meiothermus;Meiothermus-silvanus |
| 174 | 153 | 117 | 134 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Acetobacteraceae;Gluconobacter;Gluconobacter-oxydans |
| 175 | 154 | 116 | 115 | Proteobacteria;Epsilonproteobacteria;Nautiliales;Nautiliaceae;Nautilia;Nautilia-profundicola |
| 176 | 155 | 197 | 115 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Serratia;Serratia-marcescens |
| 177 | 155 | 108 | 121 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-sp.-2_1_26 |
| 178 | 155 | 99 | 124 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Cardiobacteriales;Cardiobacteriaceae;Cardiobacterium;Cardiobacterium-valvarum |
| 179 | 155 | 120 | 117 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Deinococcales;Deinococcaceae;Deinococcus;Deinococcus-deserti |
| 180 | 158 | 119 | 130 | Firmicutes;Negativicutes;Selenomonadales;Veillonellaceae;Selenomonas;Selenomonas-sp.-oral-taxon-137 |
| 181 | 160 | 142 | 89 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-abscessus |
| 182 | 160 | 95 | 114 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Aeromonadales;Aeromonadaceae;Oceanimonas;Oceanimonas-sp.-GK1 |
| 183 | 162 | 144 | 86 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-terpenotabidum |
| 184 | 162 | 120 | 114 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Jannaschia;Jannaschia-sp.-CCS1 |
| 185 | 164 | 127 | 144 | Chlorobi;Chlorobia;Chlorobiales;Chlorobiaceae;Pelodictyon;Pelodictyon-luteolum |
| 186 | 165 | 131 | 95 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomyces;Actinomyces-urogenitalis |
| 187 | 165 | 121 | 114 | Actinobacteria;Coriobacterii;Eggerthellales;Eggerthellaceae;Slackia;Slackia-exigua |
| 188 | 165 | 132 | 133 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Thermales;Thermaceae;Thermus;Thermus-sp.-CCB_US3_UF1 |
| 189 | 166 | 133 | 143 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfobacteriales;Desulfomicrobiaceae;Desulfomicrobium;Desulfomicrobium-baculatum |
| 190 | 167 | 126 | 117 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Deinococcales;Deinococcaceae;Deinococcus;Deinococcus-proteolyticus |
| 191 | 168 | 121 | 97 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-efficiens |
| 192 | 168 | 139 | 151 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfobacteriales;Desulfobulbaceae;Desulfobulbus;Desulfobulbus-propionicus |
| 193 | 169 | 122 | 124 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Paenibacillaceae;Paenibacillus;Paenibacillus-mucilaginosus |
| 194 | 169 | 133 | 147 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Ruminococcaceae;Faecalibacterium;Faecalibacterium-prausnitzii |
| 195 | 170 | 133 | 112 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Beijerinckiaceae;Beijerinckia;Beijerinckia-indica |
| 196 | 170 | 134 | 105 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomyces;Actinomyces-sp.-oral-taxon-848 |
| 197 | 172 | 114 | 166 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Cardiobacteriales;Cardiobacteriaceae;Cardiobacterium;Cardiobacterium-hominis |
| 198 | 173 | 127 | 136 | Cyanobacteria;Cyanobacteria;Oscillatoriales;Oscillatoriales;Geitlerinema;Geitlerinema-sp.-PCC-7407 |
| 199 | 174 | 133 | 145 | Actinobacteria;Coriobacterii;Coriobacteriales;Coriobacteriaceae;Collinsella;Collinsella-aerofaciens |
| 200 | 175 | 141 | 127 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialbales;Natrialbaeaceae;Halopiger;Halopiger-xanaduensis |
| 201 | 178 | 122 | 135 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfobacteriales;Desulfobacteriaceae;Desulfobacterium;Desulfobacterium-gigas |
| 202 | 178 | 140 | 119 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-lipophiloflavum |
| 203 | 179 | 147 | 138 | Actinobacteria;Coriobacterii;Coriobacteriales;Coriobacteriaceae;Collinsella;Collinsella-intestinalis |
| 204 | 179 | 166 | 114 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Segniliparaceae;Segniliparus;Segniliparus-rotundus |
| 205 | 180 | 142 | 144 | Planctomycetes;Planctomycetia;Planctomycetales;Planctomycetaceae;Rubinisphaera;Rubinisphaera-brasilensis |
| 206 | 180 | 127 | 125 | Synergistetes;Synergistia;Synergistales;Synergistaceae;Synergistetes;Synergistetes-bacterium |
| 207 | 180 | 157 | 119 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Agrobacterium;Agrobacterium-vitis |
| 208 | 183 | 123 | 162 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Neisseriales;Neisseriaceae;Neisseria;Neisseria-bacilliformis |
| 209 | 183 | 131 | 137 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Ketogulonicigenium;Ketogulonicigenium-vulgare |
| 210 | 186 | 91 | 916 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Moraxellaceae;Acinetobacter;Acinetobacter-pittii |
| 211 | 188 | 133 | 145 | Chloroflexi;Chloroflexia;Chloroflexales;Roseiflexaceae;Roseiflexus;Roseiflexus-castenholzii |
| 212 | 192 | 158 | 157 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Geobacteraceae;Geobacter;Geobacter-uranireducens |
| 213 | 195 | 146 | 142 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-sp.-KJ006 |
| 214 | 197 | 159 | 135 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialbales;Natrialbaeaceae;Salinarchaeum;Salinarchaeum-sp.-Harcht-Bsk1 |
| 215 | 200 | 151 | 174 | Firmicutes;Negativicutes;Selenomonadales;Veillonellaceae;Centipeda;Centipeda-periodontii |
| 216 | 200 | 146 | 200 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Caulobacteriales;Caulobacteraceae;Asticcacaulis;Asticcacaulis-excentricus |
| 217 | 201 | 153 | 137 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Haloferrales;Haloferraceae;Haloferrax;Haloferrax-volcanii |
| 218 | 202 | 169 | 129 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Propionibacteriaceae;Propionibacterium;Propionibacterium-avidum |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-----|-------|--|
| 219 | 202 | 237 | 139 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Klebsiella;Klebsiella-oxytoca |
| 220 | 205 | 153 | 181 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Ectothiorhodospiraceae;Spiribacter;Spiribacter-salinus |
| 221 | 205 | 145 | 163 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfovibrionales;Desulfovibrionaceae;Desulfovibrio;Desulfovibrio-piger |
| 222 | 205 | 153 | 149 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Deinococcales;Deinococcaceae;Deinococcus;Deinococcus-peraridillitoris |
| 223 | 205 | 158 | 152 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-syringae |
| 224 | 205 | 149 | 156 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Aeromonadales;Aeromonadaceae;Aeromonas;Aeromonas-hydrophila |
| 225 | 207 | 143 | 164 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Bordetella;Bordetella-avium |
| 226 | 209 | 162 | 117 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomyces;Actinomyces-sp.-oral-taxon-175 |
| 227 | 210 | 145 | 169 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfovibrionales;Desulfovibrionaceae;Desulfovibrio;Desulfovibrio-vulgaris |
| 228 | 210 | 201 | 114 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-sp.-JLS |
| 229 | 211 | 186 | 136 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-kansasii |
| 230 | 211 | 172 | 130 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-variabile |
| 231 | 212 | 107 | 43 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Serratia;Serratia-liquefaciens |
| 232 | 212 | 168 | 125 | Actinobacteria;Actinobacteria;Bifidobacteriales;Bifidobacteriaceae;Bifidobacterium;Bifidobacterium-bifidum |
| 233 | 215 | 164 | 199 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Clostridiales;Pseudoflavonifractor;Pseudoflavonifractor-capillosus |
| 234 | 215 | 167 | 60 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococcaceae;Arthrobacter;Arthrobacter-aureus |
| 235 | 216 | 148 | 420 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Moraxellaceae;Acinetobacter;Acinetobacter-baumanni |
| 236 | 216 | 151 | 159 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Leisingera;Leisingera-methylalidivorans |
| 237 | 216 | 150 | 148 | Chloroflexi;Chloroflexia;Chloroflexales;Roseiflexaceae;Roseiflexus;Roseiflexus-sp.-RS-1 |
| 238 | 219 | 153 | 153 | Chloroflexi;Caldilineae;Caldilineales;Caldilineaceae;Caldilinea;Caldilinea-aerophila |
| 239 | 219 | 188 | 160 | Actinobacteria;Coriobacterii;Coriobacteriales;Atopobiaceae;Olsenella;Olsenella-uli |
| 240 | 220 | 198 | 214 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfovibrionales;Desulfovibrionaceae;Desulfovibrio;Desulfovibrio-africanus |
| 241 | 223 | 179 | 178 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfovibrionales;Desulfovibrionaceae;Desulfovibrio;Desulfovibrio-magneticus |
| 242 | 224 | 157 | 194 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-rhizoxinica |
| 243 | 226 | 167 | 120 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomyces;Actinomyces-sp. |
| 244 | 227 | 449 | 135 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Nocardiaceae;Rhodococcus;Rhodococcus-erythropolis |
| 245 | 229 | 182 | 184 | Synergistetes;Synergistia;Synergistales;Synergistaceae;Pyramidobacter;Pyramidobacter-piscolens |
| 246 | 231 | 189 | 118 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Propionibacteriaceae;Propionibacterium;Propionibacterium-propionicum |
| 247 | 232 | 177 | 190 | Firmicutes;Negativicutes;Selenomonadales;Veillonellaceae;Selenomonas;Selenomonas-sp.-F0473 |
| 248 | 234 | 187 | 153 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-maris |
| 249 | 236 | 176 | 155 | Actinobacteria;Coriobacterii;Eggerthellales;Eggerthellaceae;Gordonibacter;Gordonibacter-pamelaeae |
| 250 | 236 | 154 | 170 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Oxalobacteraceae;Herminiimonas;Herminiimonas-arsenicoydans |
| 251 | 241 | 172 | 201 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomyces;Actinomyces-sp.-oral-taxon-170 |
| 252 | 241 | 840 | 532 | Bacteroidetes;Flavobacterii;Flavobacteriales;Flavobacteriaceae;Chryseobacterium;Chryseobacterium-gleum |
| 253 | 241 | 166 | 128 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomyces;Actinomyces-sp.-oral-taxon-448 |
| 254 | 241 | 190 | 165 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Acetobacteraceae;Acidiphilium;Acidiphilium-cryptum |
| 255 | 242 | 168 | 194 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Deinococcales;Deinococcaceae;Deinococcus;Deinococcus-geothermalis |
| 256 | 245 | 172 | 165 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Thermales;Thermaceae;Meiothermus;Meiothermus-ruber |
| 257 | 254 | 196 | 197 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Geobacteraceae;Geobacter;Geobacter-metallireducens |
| 258 | 255 | 211 | 204 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-phytofirmans |
| 259 | 256 | 198 | 192 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-sp.-CCGE1003 |
| 260 | 257 | 118 | 77 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Pusillimonas;Pusillimonas-sp.-T7-7 |
| 261 | 258 | 176 | 197 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiales;Thiomonas;Thiomonas-arsenitoydans |
| 262 | 259 | 245 | 446 | Bacteroidetes;Sphingobacterii;Sphingobacteriales;Chitinophagaceae;Nastella;Nastella-koreensis |
| 263 | 260 | 211 | 248 | Chlorobi;Chlorobia;Chlorobiales;Chlorobiaceae;Chlorobaculum;Chlorobaculum-parvum |
| 264 | 260 | 178 | 208 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Ralstonia;Ralstonia-sp.-5_7_47FAA |
| 265 | 261 | 191 | 245 | Acidobacteria;Acidobacterii;Acidobacteriales;Acidobacteriaceae;Terriglobus;Terriglobus-saanensis |
| 266 | 261 | 208 | 192 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Thermales;Thermaceae;Thermus;Thermus-thermophilus |
| 267 | 261 | 240 | 193 | Planctomycetes;Planctomycetia;Planctomycetales;Planctomycetaceae;Isosphaera;Isosphaera-pallida |
| 268 | 264 | 197 | 216 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Oceanospirillales;Alcanivoracaceae;Alcanivorax;Alcanivorax-dieselolei |
| 269 | 266 | 222 | 146 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Gordoniaceae;Gordonia;Gordonia-bronchialis |
| 270 | 266 | 241 | 147 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Brucellaceae;Ochrobactrum;Ochrobactrum-anthropi |
| 271 | 267 | 219 | 187 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Brucellaceae;Brucella;Brucella-suis |
| 272 | 270 | 189 | 215 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Geobacteraceae;Geobacter;Geobacter-bemidjensis |
| 273 | 270 | 180 | 181 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Bordetella;Bordetella-bronchiseptica |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-----|-------|--|
| 274 | 271 | 198 | 201 | Planctomycetes;Planctomycetia;Planctomycetales;Planctomycetaceae;Pirellula;Pirellula-staleyii |
| 275 | 272 | 224 | 214 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-phenoliruptrix |
| 276 | 274 | 177 | 251 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Sulfuricellales;Sulfuricellaceae;Sulfuricella;Sulfuricella-denitrificans |
| 277 | 275 | 237 | 192 | Actinobacteria;Actinobacteria;Acidothemales;Acidothermaceae;Acidothermus;Acidothermus-cellulolyticus |
| 278 | 275 | 223 | 163 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Segniliparaceae;Segniliparus;Segniliparus-rugosus |
| 279 | 275 | 194 | 260 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Hyphomonadaceae;Hyphomonas;Hyphomonas-neptunium |
| 280 | 276 | 238 | 179 | Actinobacteria;Coriobacterii;Coriobacteriales;Atopobiaceae;Olsenella;Olsenella-sp.-oral-taxon-809 |
| 281 | 276 | 203 | 235 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Geobacteraceae;Geobacter;Geobacter-sulfurreducens |
| 282 | 279 | 247 | 154 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Gordoniaceae;Gordonia;Gordonia-polysiprenivorans |
| 283 | 280 | 208 | 203 | Actinobacteria;Coriobacterii;Eggerthellales;Eggerthellaceae;Eggerthella;Eggerthella-lenta |
| 284 | 280 | 136 | 205 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Alphaproteobacteria;Alphaproteobacteria;Micavibrio;Micavibrio-aeruginosavorus |
| 285 | 281 | 228 | 230 | Cyanobacteria;Gloeobacteria;Gloeobacterales;Gloeobacter;Gloeobacter-kilaeuensis |
| 286 | 290 | 217 | 227 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Pelobacteraceae;Pelobacter;Pelobacter-propionicus |
| 287 | 294 | 234 | 187 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomycetes;Actinomycetes-sp.-oral-taxon-178 |
| 288 | 296 | 220 | 251 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfovibrionales;Desulfovibrionaceae;Desulfovibrio;Desulfovibrio-aesopaeensis |
| 289 | 297 | 231 | 250 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Chromatiaceae;Thiocystis;Thiocystis-violascens |
| 290 | 298 | 286 | 184 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-yongonense |
| 291 | 299 | 249 | 242 | Cyanobacteria;Gloeobacteria;Gloeobacterales;Gloeobacter;Gloeobacter-violaceus |
| 292 | 301 | 228 | 211 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Comamonas;Comamonas-testosteroni |
| 293 | 301 | 169 | 337 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Taylorella;Taylorella-asinigenitalis |
| 294 | 301 | 198 | 219 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Rhodoferrax;Rhodoferrax-ferrireducens |
| 295 | 303 | 213 | 252 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Rhodocyclales;Rhodocyclaceae;Dechloromonas;Dechloromonas-aromatica |
| 296 | 304 | 232 | 233 | Firmicutes;Negativicutes;Selenomonadales;Veillonellaceae;Selenomonas;Selenomonas-sputigena |
| 297 | 319 | 268 | 182 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Nocardiaceae;Nocardia;Nocardia-brasilensis |
| 298 | 319 | 229 | 258 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Ectothiorhodospiraceae;Spiribacter;Spiribacter-sp.-UAH-SP71 |
| 299 | 322 | 230 | 245 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-mendocina |
| 300 | 324 | 245 | 186 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomycetes;Actinomycetes-odontolyticus |
| 301 | 324 | 245 | 263 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Deinococcales;Deinococcaceae;Deinococcus;Deinococcus-radiodurans |
| 302 | 325 | 245 | 326 | Acidobacteria;Acidobacterii;Acidobacteriales;Acidobacteriaceae;Chloracidobacterium;Chloracidobacterium-thermophilum |
| 303 | 326 | 270 | 314 | Acidobacteria;Acidobacterii;Acidobacteriales;Acidobacteriaceae;Granulicella;Granulicella-tundricola |
| 304 | 327 | 232 | 269 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Oceanospirillales;Halomonadaceae;Halomonas;Halomonas-elongata |
| 305 | 327 | 270 | 199 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Propionibacteriaceae;Propionibacterium;Propionibacterium-freudenreichii |
| 306 | 329 | 235 | 263 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Sutterellaceae;Sutterella;Sutterella-wadsworthensis |
| 307 | 329 | 259 | 158 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Corynebacterium;Corynebacterium-halotolerans |
| 308 | 332 | 264 | 201 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptosporangiales;Nocardiopsaceae;Thermobifida;Thermobifida-fusca |
| 309 | 333 | 219 | 299 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Hyphomonadaceae;Maricaulis;Maricaulis-maris |
| 310 | 337 | 264 | 278 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-phydatum |
| 311 | 338 | 271 | 176 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptosporangiales;Nocardiopsaceae;Nocardiopsis;Nocardiopsis-alba |
| 312 | 339 | 349 | 194 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Gordoniaceae;Gordonia;Gordonia-sp.-KTR9 |
| 313 | 339 | 235 | 218 | Actinobacteria;Actinobacteria;Bifidobacteriales;Bifidobacteriaceae;Bifidobacterium;Bifidobacterium-adolescentis |
| 314 | 342 | 309 | 177 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora;Salinispora-arenicola |
| 315 | 345 | 237 | 271 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiales;Thiomonas;Thiomonas-intermedia |
| 316 | 347 | 237 | 233 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-fluorescens |
| 317 | 347 | 234 | 273 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Neisseriales;Chromobacteriaceae;Laribacter;Laribacter-hongkongensis |
| 318 | 347 | 266 | 288 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Alicyclobacillaceae;Alicyclobacillus;Alicyclobacillus-acidocaldarius |
| 319 | 349 | 219 | 165 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-sp.-VLB120 |
| 320 | 350 | 245 | 260 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Ruegeria;Ruegeria-pomeroyi |
| 321 | 350 | 190 | 389 | Archaea;Thaumarchaeota;Nitrososphaeria;Nitrososphaerales;Nitrososphaeraceae;Nitrososphaera;Candidatus-Nitrososphaera-gargensis |
| 322 | 351 | 315 | 182 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Nocardiaceae;Rhodococcus;Rhodococcus-jostii |
| 323 | 354 | 318 | 203 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-parascrofulaceum |
| 324 | 359 | 319 | 207 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora;Salinispora-tropica |
| 325 | 359 | 328 | 165 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Micromonospora;Micromonospora-aurantiaca |
| 326 | 363 | 214 | 178 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacter;Enterobacter-asburiae |
| 327 | 367 | 302 | 259 | Cyanobacteria;Cyanobacteria;Chroococcales;Chroococcales;Cyanobium;Cyanobium-gracile |
| 328 | 369 | 308 | 297 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-xenovorans |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-----|-------|---|
| 329 | 370 | 240 | 316 | Nitrospirae;Nitrospira;Nitrospirales;Nitrospiraceae;Nitrospira;Candidatus-Nitrospira-defluvi |
| 330 | 371 | 309 | 207 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Nocardiaceae;Nocardia;Nocardia-cyriaci-georgica |
| 331 | 373 | 280 | 298 | n,n;Candidatus-Methylomirabilis;Candidatus-Methylomirabilis;Candidatus-Methylomirabilis;Candidatus-Methylomirabilis-oxysera |
| 332 | 374 | 251 | 289 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Oceanospirillales;Halomonadaceae;Chromohalobacter;Chromohalobacter-salexigens |
| 333 | 377 | 343 | 224 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-sp.-JDM601 |
| 334 | 377 | 271 | 313 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Geobacteraceae;Geobacter;Geobacter-sp.-M21 |
| 335 | 378 | 430 | 271 | Bacteroidetes;Flavobacterii;Flavobacteriales;Flavobacteriaceae;Flavobacterium;Flavobacterium-johnsoniae |
| 336 | 379 | 342 | 174 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-rapamycinicus |
| 337 | 383 | 323 | 193 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Tsukamurellaceae;Tsukamurella;Tsukamurella-paurometabola |
| 338 | 385 | 272 | 272 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Dinoroseobacter;Dinoroseobacter-shibae |
| 339 | 386 | 352 | 205 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Nocardiaceae;Rhodococcus;Rhodococcus-opacus |
| 340 | 386 | 290 | 343 | Acidobacteria;Acidobacterii;Acidobacteriales;Acidobacteriaceae;Terriglobus;Terriglobus-roseus |
| 341 | 386 | 333 | 201 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-violaceus-niger |
| 342 | 389 | 355 | 240 | Actinobacteria;Actinobacteria;Frankiales;Frankiaceae;Frankia;Frankia-sp.-Ccl3 |
| 343 | 391 | 225 | 269 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Acidovorax;Acidovorax-eburus |
| 344 | 391 | 316 | 307 | Bacteroidetes;Bacteroidetes;Bacteroidetes-Order-II.-Incertae-sedis;Rhodothermaceae;Salinibacter;Salinibacter-ruber |
| 345 | 394 | 270 | 264 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-poeae |
| 346 | 401 | 338 | 210 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Propionibacteriaceae;Propionibacterium;Propionibacterium-acidipropionici |
| 347 | 405 | 277 | 310 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Sutterellaceae;Sutterella;Sutterella-parvirubra |
| 348 | 406 | 306 | 266 | Chloroflexi;Thermomicrobia;Thermomicrobiales;Thermomicrobiaceae;Thermomicrobium;Thermomicrobium-roseum |
| 349 | 407 | 287 | 272 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-sp.-TKP |
| 350 | 408 | 234 | 281 | Firmicutes;Erysipelotrichia;Erysipelotrichales;Erysipelotrichaceae;Catenibacterium;Catenibacterium-mitsuokai |
| 351 | 412 | 308 | 328 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfarculales;Desulfarculaceae;Desulfarculus;Desulfarculus-baarsii |
| 352 | 414 | 273 | 322 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Ralstonia;Ralstonia-pickettii |
| 353 | 418 | 307 | 301 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-lata |
| 354 | 419 | 348 | 335 | Firmicutes;Negativicutes;Selenomonadales;Veillonellaceae;Mitsuokella;Mitsuokella-multacida |
| 355 | 422 | 323 | 399 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Heliobacteriaceae;Heliobacterium;Heliobacterium-modesticaldum |
| 356 | 431 | 435 | 224 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-neoaurum |
| 357 | 437 | 299 | 315 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Rhodobacter;Rhodobacter-capsulatus |
| 358 | 438 | 363 | 407 | Acidobacteria;Acidobacterii;Acidobacteriales;Acidobacteriaceae;Granulicella;Granulicella-mallensis |
| 359 | 438 | 378 | 219 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-bingchengensis |
| 360 | 443 | 323 | 324 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-ambifaria |
| 361 | 445 | 310 | 266 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Delftia;Delftia-acidovorans |
| 362 | 452 | 207 | 248 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Frateuria;Frateuria-aurantia |
| 363 | 453 | 334 | 356 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Rhodospirillaceae;Rhodospirillum;Rhodospirillum-rubrum |
| 364 | 455 | 379 | 236 | Actinobacteria;Actinobacteria;Glycomycetales;Glycomycetaceae;Stackebrandtia;Stackebrandtia-nassauensis |
| 365 | 455 | 324 | 349 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-sp.-RPE4 |
| 366 | 456 | 421 | 274 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-avium |
| 367 | 457 | 337 | 376 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Acetobacteraceae;Gluconacetobacter;Gluconacetobacter-diazotrophicus |
| 368 | 457 | 384 | 248 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Nocardiaceae;Rhodococcus;Rhodococcus-pyridinivorans |
| 369 | 458 | 309 | 282 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Bordetella;Bordetella-parapertussis |
| 370 | 460 | 376 | 346 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Thermales;Thermaceae;Marinithermus;Marinithermus-hydrothermalis |
| 371 | 463 | 321 | 299 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Phyllobacteriaceae;Chelativorans;Chelativorans-sp.-BNC1 |
| 372 | 464 | 391 | 350 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-sp.-CCGE1002 |
| 373 | 465 | 414 | 127 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Pantoea;Pantoea-vagans |
| 374 | 466 | 340 | 380 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Desulfuromonadales;Geobacteraceae;Geobacter;Geobacter-sp.-M18 |
| 375 | 471 | 345 | 419 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Methylococcales;Methylococcaceae;Methylococcus;Methylococcus-capsulatus |
| 376 | 473 | 365 | 368 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Deinococcales;Deinococcaceae;Deinococcus;Deinococcus-gobiensis |
| 377 | 480 | 384 | 353 | Actinobacteria;Coriobacterii;Coriobacteriales;Coriobacteriaceae;Collinsella;Collinsella-stercoris |
| 378 | 482 | 369 | 211 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococcaceae;Kocuria;Kocuria-rhizophila |
| 379 | 482 | 308 | 401 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Gallionellales;Gallionellaceae;Sideroxydans;Sideroxydans-lithotrophicus |
| 380 | 482 | 347 | 285 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Sinorhizobium;Sinorhizobium-medicae |
| 381 | 484 | 443 | 291 | Actinobacteria;Actinobacteria;Frankiales;Frankiaceae;Frankia;Frankia-symbiont-of-Datisca-glomerata |
| 382 | 485 | 502 | 265 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-vanbaalenii |
| 383 | 486 | 291 | 244 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacter;Enterobacter-cancerogenus |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-----|-------|--|
| 384 | 488 | 332 | 382 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Ectothiorhodospiraceae;Alkallimnicola;Alkallimnicola-ehrfichii |
| 385 | 488 | 469 | 278 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-sp.-MCS |
| 386 | 490 | 376 | 367 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-cenocepacia |
| 387 | 493 | 314 | 345 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-fulva |
| 388 | 500 | 372 | 565 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinomycetales;Actinomycetaceae;Actinomyces;Actinomyces-sp.-oral-taxon-171 |
| 389 | 504 | 374 | 389 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Cupriavidus;Cupriavidus-metallidurans |
| 390 | 512 | 390 | 368 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-cepacia |
| 391 | 523 | 410 | 393 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Deinococcales;Trueperaceae;Truepera;Truepera-radiovitrix |
| 392 | 524 | 415 | 407 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-sp.-Y123 |
| 393 | 529 | 483 | 324 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Corynebacteriaceae;Turicella;Turicella-otitidis |
| 394 | 530 | 366 | 405 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Betaproteobacteria;Betaproteobacteria;Candidatus-Accumulibacter;Candidatus-Accumulibacter-phosphatis |
| 395 | 534 | 404 | 426 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Hyphomicrobiaceae;Rhodomicrobium;Rhodomicrobium-vannielii |
| 396 | 535 | 475 | 372 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Rhizobium;Rhizobium-tropici |
| 397 | 535 | 404 | 392 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Hyphomicrobiaceae;Pelagibacterium;Pelagibacterium-halotolerans |
| 398 | 537 | 507 | 292 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-chubuense |
| 399 | 539 | 474 | 271 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Achromobacter;Achromobacter-piechaudii |
| 400 | 540 | 411 | 301 | Actinobacteria;Actinobacteria;Pseudonocardiales;Pseudonocardiaceae;Amycolatopsis;Amycolatopsis-orientalis |
| 401 | 540 | 373 | 393 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-stutzeri |
| 402 | 541 | 511 | 800 | Bacteroidetes;Cytophagia;Cytophagales;Cytophagaceae;Dyadobacter;Dyadobacter-fermentans |
| 403 | 547 | 406 | 218 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-griseus |
| 404 | 550 | 354 | 219 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-fulvissimus |
| 405 | 553 | 458 | 283 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptosporangiales;Nocardioseae;Nocardioseae;Nocardioseae-dassonvillei |
| 406 | 557 | 583 | 318 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-rhodesiae |
| 407 | 562 | 422 | 469 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Ectothiorhodospiraceae;Halorhodospira;Halorhodospira-halophila |
| 408 | 570 | 444 | 474 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Hyphomicrobiaceae;Hyphomicrobium;Hyphomicrobium-sp.-MC1 |
| 409 | 573 | 479 | 315 | Actinobacteria;Actinobacteria;Frankiales;Frankiaceae;Frankia;Frankia-sp.-EAN1pec |
| 410 | 581 | 451 | 424 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Beijerinckiaceae;Methylocella;Methylocella-silvestris |
| 411 | 581 | 393 | 361 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-entomophila |
| 412 | 582 | 384 | 457 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Myxococcaceae;Myxococcus;Myxococcus-xanthus |
| 413 | 583 | 416 | 427 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-resinovorans |
| 414 | 590 | 596 | 314 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Nocardiaceae;Rhodococcus;Rhodococcus-equi |
| 415 | 590 | 444 | 436 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-vietnamiensis |
| 416 | 593 | 490 | 313 | Actinobacteria;Actinobacteria;Catenulesporales;Catenulesporaceae;Catenulespora;Catenulespora-acidiphila |
| 417 | 598 | 484 | 207 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococcaceae;Arthrobacter;Arthrobacter-sp.-Rue61a |
| 418 | 602 | 486 | 331 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Nocardiaceae;Nocardia;Nocardia-farcinica |
| 419 | 607 | 426 | 404 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Propionibacteriaceae;Propionibacterium;Propionibacterium-acnes |
| 420 | 608 | 411 | 340 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Hyphomicrobiaceae;Hyphomicrobium;Hyphomicrobium-denitrificans |
| 421 | 613 | 480 | 278 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Dermabacteraceae;Brachybacterium;Brachybacterium-faecium |
| 422 | 619 | 438 | 483 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Oxalobacteraceae;Collimonas;Collimonas-fungivorans |
| 423 | 620 | 552 | 461 | Actinobacteria;Acidimicrobia;Acidimicrobiales;Acidimicrobiaceae;Acidimicrobium;Acidimicrobium-ferrooxidans |
| 424 | 621 | 440 | 522 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Rhodospirillaceae;Magnetospirillum;Magnetospirillum-gryphiswaldense |
| 425 | 625 | 418 | 491 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Ectothiorhodospiraceae;Thioalkalivibrio;Thioalkalivibrio-sp.-K90mix |
| 426 | 628 | 368 | 399 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Xanthomonas;Xanthomonas-citri |
| 427 | 628 | 449 | 471 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Deinococcales;Deinococcaceae;Deinococcus;Deinococcus-maricopensis |
| 428 | 629 | 430 | 469 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-denitrificans |
| 429 | 629 | 530 | 313 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-cattleya |
| 430 | 629 | 587 | 367 | Actinobacteria;Actinobacteria;Corynebacteriales;Mycobacteriaceae;Mycobacterium;Mycobacterium-gilvum |
| 431 | 640 | 464 | 451 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Azotobacter;Azotobacter-vinelandii |
| 432 | 642 | 525 | 290 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-avermitilis |
| 433 | 644 | 434 | 451 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Verminephrobacter;Verminephrobacter-eiseniae |
| 434 | 645 | 426 | 428 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Bordetella;Bordetella-petrii |
| 435 | 647 | 494 | 478 | Firmicutes;Bacilli;Bacillales;Paenibacillaceae;Thermobacillus;Thermobacillus-composti |
| 436 | 649 | 522 | 291 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-albus |
| 437 | 649 | 542 | 592 | Acidobacteria;Acidobacteria;Acidobacteriales;Acidobacteriaceae;Candidatus-Koribacter;Candidatus-Koribacter-versatilis |
| 438 | 651 | 402 | 428 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Xanthomonas;Xanthomonas-oryzae |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-----|-------|---|
| 439 | 653 | 562 | 279 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Propionibacteriaceae;Microlunatus;Microlunatus-phosphovorus |
| 440 | 657 | 556 | 384 | Actinobacteria;Actinobacteria;Frankiales;Frankiaceae;Frankia;Frankia-alni |
| 441 | 661 | 518 | 294 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Dermacoccaceae;Kytococcus;Kytococcus-sedentarius |
| 442 | 664 | 586 | 203 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-sp.-PAMC26508 |
| 443 | 667 | 485 | 498 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-pseudomallei |
| 444 | 667 | 572 | 325 | Actinobacteria;Actinobacteria;Nakamurellales;Nakamurellaceae;Nakamurella;Nakamurella-multipartita |
| 445 | 670 | 505 | 609 | Acidobacteria;Acidobacteriia;Acidobacteriales;Acidobacteriaceae;Acidobacterium;Acidobacterium-capsulatum |
| 446 | 672 | 471 | 627 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Rhodospirillaceae;Pararhodospirillum;Pararhodospirillum-photometricum |
| 447 | 677 | 573 | 301 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-collinus |
| 448 | 683 | 428 | 558 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Rhodocyclales;Rhodocyclaceae;Azospira;Azospira-oryzae |
| 449 | 685 | 523 | 390 | Actinobacteria;Actinobacteria;Pseudonocardiales;Pseudonocardiaceae;Actinosynnema;Actinosynnema-mirum |
| 450 | 688 | 564 | 372 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Actinoplanes;Actinoplanes-sp.-SE50/110 |
| 451 | 689 | 543 | 300 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-hygroscopicus |
| 452 | 708 | 530 | 540 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Rhodospirillaceae;Magnetospirillum;Magnetospirillum-magneticum |
| 453 | 708 | 431 | 247 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-sp.-SirexAA-E |
| 454 | 710 | 485 | 591 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Ectothiorhodospiraceae;Thioalkalivibrio;Thioalkalivibrio-nitratireducens |
| 455 | 724 | 511 | 611 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Chromatiaceae;Allochroamatium;Allochroamatium-vinosum |
| 456 | 728 | 535 | 597 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhodiaceae;Parvibaculum;Parvibaculum-lavamentivorans |
| 457 | 729 | 578 | 476 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhodiaceae;Agrobacterium;Agrobacterium-tumefaciens |
| 458 | 731 | 463 | 548 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Myxococcaceae;Myxococcus;Myxococcus-stipitatus |
| 459 | 734 | 491 | 503 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Bordetella;Bordetella-pertussis |
| 460 | 736 | 438 | 504 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Acidovorax;Acidovorax-sp.-JS42 |
| 461 | 739 | 570 | 529 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Methylocystaceae;Methylocystis;Methylocystis-sp.-SC2 |
| 462 | 744 | 480 | 569 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Acidovorax;Acidovorax-sp.-KKS102 |
| 463 | 744 | 525 | 540 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Paracoccus;Paracoccus-denitrificans |
| 464 | 745 | 625 | 390 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Actinoplanes;Actinoplanes-missouriensis |
| 465 | 746 | 612 | 662 | Acidobacteria;Solibacteres;Solibacterales;Solibacteraceae;Candidatus-Solibacter;Candidatus-Solibacter-usitatus |
| 466 | 748 | 553 | 564 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-multivorans |
| 467 | 752 | 489 | 601 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Neisseriales;Chromobacteriaceae;Chromobacterium;Chromobacterium-violaceum |
| 468 | 757 | 622 | 388 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Actinoplanes;Actinoplanes-sp.-N902-109 |
| 469 | 761 | 632 | 380 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Kitasatospora;Kitasatospora-setae |
| 470 | 762 | 638 | 551 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Symbiobacteriaceae;Symbiobacterium;Symbiobacterium-thermophilum |
| 471 | 765 | 478 | 489 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Xanthomonas;Xanthomonas-fuscans |
| 472 | 766 | 562 | 569 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Burkholderia;Burkholderia-thailandensis |
| 473 | 778 | 480 | 582 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Myxococcaceae;Myxococcus;Myxococcus-fulvus |
| 474 | 778 | 568 | 342 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-scabiei |
| 475 | 783 | 552 | 639 | Bacteroidetes;Bacteroidetes;Bacteroidetes-Order-II.-Incertae-sedis;Rhodothermaceae;Rhodothermus;Rhodothermus-marinus |
| 476 | 786 | 521 | 577 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Polaromonas;Polaromonas-sp.-JS666 |
| 477 | 788 | 496 | 519 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Polaromonas;Polaromonas-naphthalenivorans |
| 478 | 791 | 530 | 688 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Ectothiorhodospiraceae;Thioalkalivibrio;Thioalkalivibrio-sulfidiphilus |
| 479 | 793 | 656 | 467 | Actinobacteria;Actinobacteria;Pseudonocardiales;Pseudonocardiaceae;Saccharothrix;Saccharothrix-espanaensis |
| 480 | 795 | 688 | 448 | Actinobacteria;Actinobacteria;Pseudonocardiales;Pseudonocardiaceae;Amycolatopsis;Amycolatopsis-mediterranei |
| 481 | 796 | 591 | 790 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhodiaceae;Rhizobium;Rhizobium-sp. |
| 482 | 797 | 691 | 409 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Verrucosipora;Verrucosipora-maris |
| 483 | 797 | 645 | 415 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Actinoplanes;Actinoplanes-fruiliensis |
| 484 | 801 | 725 | 559 | Planctomycetes;Planctomycetia;Planctomycetales;Planctomycetaceae;Singulisphaera;Singulisphaera-acidiphila |
| 485 | 808 | 584 | 612 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Rhodospirillaceae;Tistrella;Tistrella-mobilis |
| 486 | 817 | 666 | 409 | Actinobacteria;Actinobacteria;Pseudonocardiales;Pseudonocardiaceae;Saccharopolyspora;Saccharopolyspora-erythraea |
| 487 | 823 | 598 | 632 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-glumae |
| 488 | 824 | 579 | 495 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Delftia;Delftia-sp.-Cs1-4 |
| 489 | 827 | 728 | 471 | Actinobacteria;Actinobacteria;Frankiales;Frankiaceae;Frankia;Frankia-sp.-Eul1c |
| 490 | 830 | 763 | 329 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-coelicolor |
| 491 | 831 | 440 | 585 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Cystobacteraceae;Stigmatella;Stigmatella-aurantiaca |
| 492 | 833 | 610 | 599 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Hyphomicrobiaceae;Hyphomicrobium;Hyphomicrobium-nitrativorans |
| 493 | 835 | 714 | 413 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptosporangiales;Streptosporangiaceae;Streptosporangium;Streptosporangium-roseum |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|------|-------|---|
| 494 | 853 | 622 | 652 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Chromatiales;Chromatiaceae;Thioflavococcus;Thioflavococcus-mobilis |
| 495 | 855 | 756 | 546 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Afipia;Afipia-felis |
| 496 | 858 | 563 | 665 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Myxococcaceae;Corallocooccus;Corallocooccus-coralloides |
| 497 | 859 | 638 | 631 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Acetobacteraceae;Acidiphilium;Acidiphilium-multivorum |
| 498 | 865 | 581 | 599 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Rhodobacter;Rhodobacter-sphaeroides |
| 499 | 866 | 677 | 371 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Sanguibacteraceae;Sanguibacter;Sanguibacter-keddiei |
| 500 | 868 | 700 | 382 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-davawensis |
| 501 | 884 | 973 | 922 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Burkholderia;Burkholderia-gladioli |
| 502 | 908 | 733 | 421 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Dermacoccaceae;Dermacoccus;Dermacoccus-sp.-Ellin185 |
| 503 | 910 | 586 | 694 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Neisseriales;Chromobacteriaceae;Pseudogulbenkiania;Pseudogulbenkiania-sp.-NH8B |
| 504 | 914 | 700 | 643 | Deinococcus-Thermus;Deinococci;Thermales;Thermaceae;Oceanithermus;Oceanithermus-profundus |
| 505 | 942 | 720 | 897 | Verrucomicrobia;Opitutae;Opitutales;Opitutaceae;Opitutus;Opitutus-terrae |
| 506 | 944 | 539 | 537 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Xanthomonas;Xanthomonas-albilineans |
| 507 | 961 | 811 | 440 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Beutenbergiaceae;Beutenbergia;Beutenbergia-cavernae |
| 508 | 965 | 705 | 385 | Actinobacteria;Actinobacteria;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineococcus;Kineococcus-radiotolerans |
| 509 | 968 | 766 | 713 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Clostridiales-Family-XVII.-Incertae-Sedis;Thermaerobacter;Thermaerobacter-marianensis |
| 510 | 970 | 831 | 721 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Rhizobium;Rhizobium-etli |
| 511 | 970 | 723 | 462 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococcaceae;Micrococcus;Micrococcus-luteus |
| 512 | 975 | 802 | 482 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptosporangiales;Thermomonosporaceae;Thermomonospora;Thermomonospora-curvata |
| 513 | 981 | 710 | 731 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Anaeromyxobacteraceae;Anaeromyxobacter;Anaeromyxobacter-dehalogenans |
| 514 | 988 | 888 | 648 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Afipia;Afipia-broomeae |
| 515 | 995 | 595 | 557 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Oxalobacteraceae;Herbaspirillum;Herbaspirillum-seropedicae |
| 516 | 996 | 859 | 693 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Rhizobium;Rhizobium-leguminosarum |
| 517 | 1005 | 570 | 440 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacter;Enterobacter-hormaechei |
| 518 | 1007 | 654 | 778 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Ralstonia;Ralstonia-solanacearum |
| 519 | 1024 | 664 | 459 | Actinobacteria;Actinobacteria;Streptomycetales;Streptomycetaceae;Streptomyces;Streptomyces-venezuelae |
| 520 | 1036 | 842 | 652 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Xanthobacteraceae;Xanthobacter;Xanthobacter-autotrophicus |
| 521 | 1040 | 849 | 659 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Xanthobacteraceae;Azorhizobium;Azorhizobium-caulinodans |
| 522 | 1068 | 973 | 527 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Micromonospora;Micromonospora-sp.-L5 |
| 523 | 1072 | 851 | 478 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Cellulomonadaceae;Cellulomonas;[Cellvibrio]-gilvus |
| 524 | 1073 | 847 | 459 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Promicromonosporaceae;Xylanimonas;Xylanimonas-cellulosilytica |
| 525 | 1080 | 835 | 460 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Cellulomonadaceae;Cellulomonas;Cellulomonas-flavigena |
| 526 | 1101 | 707 | 784 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Acidovorax;Acidovorax-avenae |
| 527 | 1113 | 816 | 897 | Planctomycetes;Phycisphaerae;Phycisphaerales;Phycisphaeraceae;Phycisphaera;Phycisphaera-mikurensis |
| 528 | 1116 | 835 | 891 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Caulobacteriales;Caulobacteraceae;Caulobacter;Caulobacter-vibrioides |
| 529 | 1120 | 602 | 506 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Enterobacter;Enterobacter-cloacae |
| 530 | 1126 | 789 | 889 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Rhodocyclales;Rhodocyclaceae;Azoarcus;Azoarcus-sp.-KH32C |
| 531 | 1126 | 736 | 319 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococcaceae;Arthrobacter;Arthrobacter-sp.-FB24 |
| 532 | 1138 | 801 | 946 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Kofleriaceae;Haliangium;Haliangium-ochraceum |
| 533 | 1166 | 864 | 865 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Cupriavidus;Cupriavidus-taiwanensis |
| 534 | 1168 | 1037 | 630 | Actinobacteria;Actinobacteria;Actinobacteria;Actinobacteria;Thermobispora;Thermobispora-bispora |
| 535 | 1170 | 766 | 893 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Rhodocyclales;Rhodocyclaceae;Aromatoleum;Aromatoleum-aromaticum |
| 536 | 1171 | 845 | 887 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Pandoraea;Pandoraea-sp.-RB-44 |
| 537 | 1176 | 1056 | 802 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Afipia;Afipia-clevelandensis |
| 538 | 1184 | 1046 | 768 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Oligotropha;Oligotropha-carboxidovorans |
| 539 | 1197 | 1008 | 610 | Actinobacteria;Actinobacteria;Pseudonocardiales;Pseudonocardaceae;Pseudonocardia;Pseudonocardia-dioxanivorans |
| 540 | 1208 | 999 | 924 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Agrobacterium;Agrobacterium-fabrum |
| 541 | 1226 | 868 | 696 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Phyllobacteriaceae;Mesorhizobium;Mesorhizobium-australicum |
| 542 | 1227 | 1079 | 889 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Halobacteriales;Halobacteriaceae;Halobacterium;Halobacterium-salinatum |
| 543 | 1229 | 752 | 753 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Xanthomonas;Xanthomonas-campestris |
| 544 | 1232 | 375 | 723 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Moraxellaceae;Acinetobacter;Acinetobacter-oleivorans |
| 545 | 1239 | 779 | 252 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Microbacteriaceae;Leifsonia;Leifsonia-xyli |
| 546 | 1239 | 1116 | 1002 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Caulobacteriales;Caulobacteraceae;Caulobacter;Caulobacter-sp.-K31 |
| 547 | 1252 | 766 | 897 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Acidovorax;Acidovorax-citrulli |
| 548 | 1270 | 1019 | 676 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-brassicacearum |

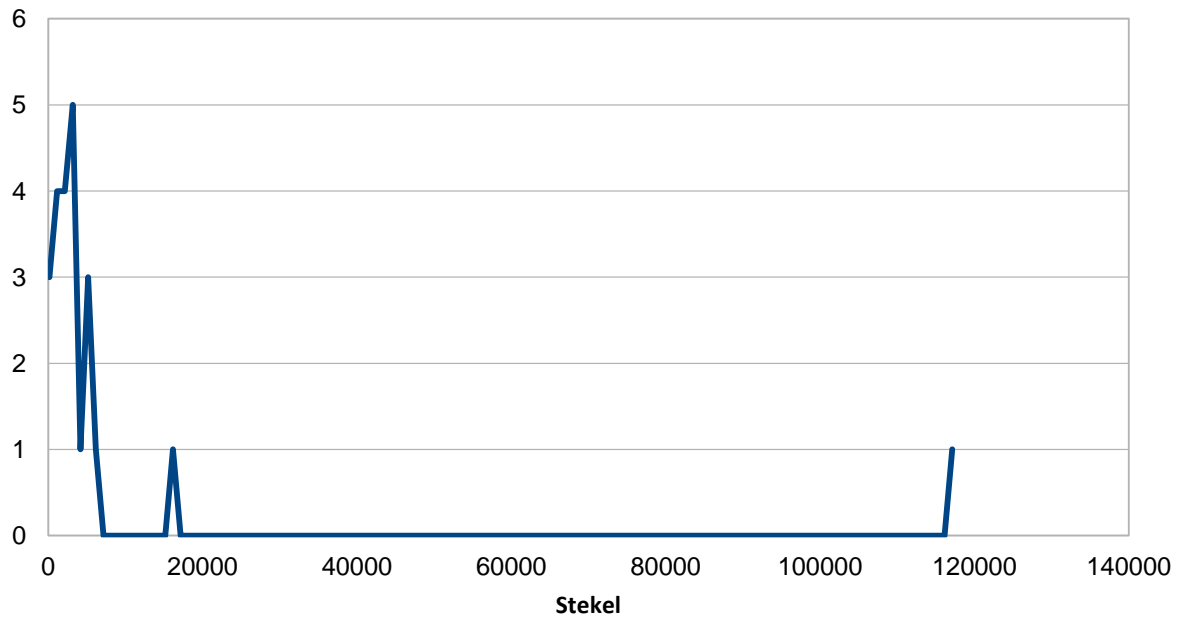
| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|------|-------|---|
| 549 | 1300 | 938 | 933 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiaceae;Cupriavidus;Cupriavidus-necator |
| 550 | 1332 | 1100 | 576 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Cellulomonadaceae;Cellulomonas;Cellulomonas-fimi |
| 551 | 1338 | 978 | 717 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Phyllobacteriaceae;Mesorhizobium;Mesorhizobium-loti |
| 552 | 1351 | 1294 | 891 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Bradyrhizobium;Bradyrhizobium-oligotrophicum |
| 553 | 1360 | 1053 | 797 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Methylobacteriaceae;Methylobacterium;Methylobacterium-populi |
| 554 | 1360 | 999 | 1090 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Caulobacterales;Caulobacteraceae;Caulobacter;Caulobacter-segnis |
| 555 | 1372 | 1067 | 1218 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Polyangiaceae;Sorangium;Sorangium-cellulosum |
| 556 | 1378 | 1066 | 834 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Methylobacteriaceae;Methylobacterium;Methylobacterium-extorquens |
| 557 | 1387 | 779 | 656 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Agrobacterium;Agrobacterium-sp.-H13-3 |
| 558 | 1389 | 955 | 755 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Phyllobacteriaceae;Mesorhizobium;Mesorhizobium-ciceri |
| 559 | 1405 | 1045 | 1086 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Rhodospirillaceae;Rhodospirillum;Rhodospirillum-centenum |
| 560 | 1411 | 990 | 1280 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Caulobacterales;Caulobacteraceae;Brevundimonas;Brevundimonas-subvibrioides |
| 561 | 1445 | 1048 | 961 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Acetobacteraceae;Roseomonas;Roseomonas-cervicalis |
| 562 | 1460 | 1092 | 1100 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Rhodospirillaceae;Azospirillum;Azospirillum-brasilense |
| 563 | 1470 | 937 | 1132 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Rhodocyclales;Rhodocyclaceae;Azoarcus;Azoarcus-sp.-BH72 |
| 564 | 1511 | 1218 | 778 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Methylobacteriaceae;Methylobacterium;Methylobacterium-nodulans |
| 565 | 1531 | 1074 | 834 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Phyllobacteriaceae;Mesorhizobium;Mesorhizobium-opportunum |
| 566 | 1561 | 979 | 410 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococaceae;Arthrobacter;Arthrobacter-chlorophenolicus |
| 567 | 1561 | 1227 | 673 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Nocardioideaceae;Kribbella;Kribbella-flavida |
| 568 | 1561 | 1068 | 1483 | Gemmatimonadetes;Gemmatimonadetes;Gemmatimonadales;Gemmatimonadaceae;Gemmatimonas;Gemmatimonas-aurantiaca |
| 569 | 1578 | 1384 | 540 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Intrasporangiaceae;Intrasporangium;Intrasporangium-calum |
| 570 | 1579 | 1514 | 1043 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Bradyrhizobium;Bradyrhizobium-sp.-BTa1 |
| 571 | 1618 | 1184 | 963 | Chloroflexi;Thermomicrobia;Sphaerobacteriales;Sphaerobacteraceae;Sphaerobacter;Sphaerobacter-thermophilus |
| 572 | 1634 | 1029 | 1114 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Alicyclophilus;Alicyclophilus-denitrificans |
| 573 | 1646 | 1356 | 815 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Nocardioideaceae;Aeromicrobium;Aeromicrobium-marinum |
| 574 | 1654 | 1265 | 988 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Methylobacteriaceae;Methylobacterium;Methylobacterium-radiotolerans |
| 575 | 1703 | 1608 | 1109 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Bradyrhizobium;Bradyrhizobium-sp.-ORS-278 |
| 576 | 1713 | 1106 | 1366 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Hydrogenophilales;Hydrogenophilaceae;Thiobacillus;Thiobacillus-denitrificans |
| 577 | 1722 | 1642 | 1136 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Rhodopseudomonas;Rhodopseudomonas-palustris |
| 578 | 1736 | 1435 | 1001 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Alcaligenaceae;Achromobacter;Achromobacter-xylooxidans |
| 579 | 1779 | 1436 | 805 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Promicromonosporaceae;Isoptricola;Isoptricola-variabilis |
| 580 | 1789 | 1674 | 988 | Actinobacteria;Acidimicrobia;Acidimicrobiales;Acidimicrobiaceae;Ilumatobacter;Ilumatobacter-coccineus |
| 581 | 1796 | 1346 | 1171 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Alphaproteobacteria;Alphaproteobacteria;Polymorphum;Polymorphum-givum |
| 582 | 1877 | 1209 | 455 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Micrococaceae;Arthrobacter;Arthrobacter-phenanthrenivorans |
| 583 | 1881 | 1029 | 1761 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Sphingobium;Sphingobium-chlorophenolicum |
| 584 | 1902 | 1427 | 704 | Actinobacteria;Actinobacteria;Geodermatophilales;Geodermatophilaceae;Modestobacter;Modestobacter-marinus |
| 585 | 1943 | 1239 | 1532 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Rhodocyclales;Rhodocyclaceae;Thauera;Thauera-sp.-MZ1T |
| 586 | 1957 | 1538 | 1043 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Methylobacteriaceae;Methylobacterium;Methylobacterium-sp.-4-46 |
| 587 | 1965 | 1444 | 1549 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Anaeromyxobacteraceae;Anaeromyxobacter;Anaeromyxobacter-sp.-K |
| 588 | 1982 | 1089 | 1886 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Novosphingobium;Novosphingobium-sp.-PP1Y |
| 589 | 2053 | 2497 | 465 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-putida |
| 590 | 2084 | 1622 | 1268 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Sinorhizobium;Sinorhizobium-fredii |
| 591 | 2085 | 1285 | 711 | Actinobacteria;Actinobacteria;Geodermatophilales;Geodermatophilaceae;Blastococcus;Blastococcus-saxosidens |
| 592 | 2094 | 1560 | 1103 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Rhizobiaceae;Sinorhizobium;Sinorhizobium-melloti |
| 593 | 2098 | 1577 | 1564 | Proteobacteria;Deltaproteobacteria;Myxococcales;Anaeromyxobacteraceae;Anaeromyxobacter;Anaeromyxobacter-sp.-Fw109-5 |
| 594 | 2130 | 1761 | 1403 | Archaea;Euryarchaeota;Halobacteria;Natrialbales;Natrialbaceae;Natronococcus;Natronococcus-occulus |
| 595 | 2140 | 2172 | 1349 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Bradyrhizobium;Bradyrhizobium-sp.-S2321 |
| 596 | 2199 | 2041 | 2964 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Moraxellaceae;Acinetobacter;Acinetobacter-calcoaceticus |
| 597 | 2258 | 1545 | 572 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Microbacteriaceae;Clavibacter;Clavibacter-michiganensis |
| 598 | 2282 | 1516 | 765 | Actinobacteria;Actinobacteria;Geodermatophilales;Geodermatophilaceae;Geodermatophilus;Geodermatophilus-obscurus |
| 599 | 2282 | 1636 | 1606 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodospirillales;Rhodospirillaceae;Azospirillum;Azospirillum-lipoferum |
| 600 | 2358 | 2484 | 1448 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Bradyrhizobium;Bradyrhizobium-diaoefficiens |
| 601 | 2560 | 1354 | 2560 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Erythrobacteraceae;Erythrobacter;Erythrobacter-litoralis |
| 602 | 2574 | 1508 | 2630 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Sphingobium;Sphingobium-sp.-SYK-6 |
| 603 | 2737 | 2265 | 1855 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Xanthobacteraceae;Starkeya;Starkeya-novella |

| TAXON | Control | M4 | M8/18 | Taxonomy |
|-------|---------|-------|-------|---|
| 604 | 2770 | 2462 | 645 | Actinobacteria;Actinobacteria;Micrococcales;Microbacteriaceae;Microbacterium;Microbacterium-testaceum |
| 605 | 2837 | 1608 | 2809 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Sphingobium;Sphingobium-yanoikuyae |
| 606 | 2843 | 1547 | 2748 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Novosphingobium;Novosphingobium-aromaticivorans |
| 607 | 2850 | 1373 | 636 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Nitrobacter;Nitrobacter-hamburgensis |
| 608 | 2900 | 1593 | 1545 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Pseudoxanthomonas;Pseudoxanthomonas-spadix |
| 609 | 3011 | 1832 | 2295 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiales;Leptothrix;Leptothrix-cholodnii |
| 610 | 3062 | 1782 | 2169 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Oxalobacteraceae;Massilia;Massilia-timonae |
| 611 | 3180 | 2760 | 1988 | Actinobacteria;Actinobacteria;Pseudonocardiales;Pseudonocardaceae;Saccharomonospora;Saccharomonospora-viridis |
| 612 | 3327 | 1784 | 2881 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Sphingobium;Sphingobium-japonicum |
| 613 | 3402 | 2102 | 2594 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiales;Methylbium;Methylbium-petroleiphilum |
| 614 | 3568 | 2544 | 2785 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Caulobacterales;Caulobacteraceae;Phenylbacterium;Phenylbacterium-zucineum |
| 615 | 3915 | 3369 | 3335 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Variovorax;Variovorax-paradoxus |
| 616 | 4024 | 1747 | 698 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhizobiales;Bradyrhizobiaceae;Nitrobacter;Nitrobacter-winogradskyi |
| 617 | 4186 | 2691 | 3246 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Burkholderiales;Rubrivivax;Rubrivivax-gelatinosus |
| 618 | 4585 | 4596 | 1616 | Actinobacteria;Rubrobacteria;Rubrobacterales;Rubrobacteraceae;Rubrobacter;Rubrobacter-xylanophilus |
| 619 | 5053 | 3547 | 5084 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Sphingopyxis;Sphingopyxis-alaskensis |
| 620 | 5373 | 5362 | 2114 | Actinobacteria;Thermoleophila;Solirubrobacterales;Conexibacteraceae;Conexibacter;Conexibacter-woesei |
| 621 | 5397 | 2863 | 5452 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Sphingomonas;Sphingomonas-sp.-MM-1 |
| 622 | 5398 | 3892 | 3438 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Stenotrophomonas;Stenotrophomonas-maltophilii |
| 623 | 5810 | 10433 | 11172 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Enterobacteriales;Enterobacteriaceae;Escherichia;Escherichia-coli |
| 624 | 6035 | 3177 | 3110 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Pseudoxanthomonas;Pseudoxanthomonas-suwonensis |
| 625 | 6291 | 4666 | 1781 | Actinobacteria;Actinobacteria;Propionibacteriales;Nocardioideaceae;Nocardioideae;Nocardioideae-sp.-JS614 |
| 626 | 6592 | 2117 | 858 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Pseudomonadales;Pseudomonadaceae;Pseudomonas;Pseudomonas-monteilii |
| 627 | 7073 | 1298 | 1935 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Nitrosomonadales;Nitrosomonadaceae;Nitrosospora;Nitrosospora-multiformis |
| 628 | 8110 | 4277 | 8490 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Sphingomonadales;Sphingomonadaceae;Sphingomonas;Sphingomonas-wittichii |
| 629 | 8205 | 2693 | 1873 | Proteobacteria;Gammaproteobacteria;Xanthomonadales;Xanthomonadaceae;Rhodanobacter;Rhodanobacter-denitrificans |
| 630 | 8951 | 4160 | 5319 | Proteobacteria;Betaproteobacteria;Burkholderiales;Comamonadaceae;Ramilbacter;Ramilbacter-tataouinensis |
| 631 | 44378 | 31682 | 39233 | Firmicutes;Clostridia;Clostridiales;Lachnospiraceae;Anaerostipes;Anaerostipes-hadrus |
| 632 | 72435 | 52167 | 63721 | Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Caulobacterales;Caulobacteraceae;Brevundimonas;Brevundimonas-diminuta |

Anexo 6. Análisis metodología basada en Stekel *et al.*, 2000 aplicado a las categorías funcionales de COG.

| | Categoría COG | Control | aBss4 | aBss8/18 | STECKEL |
|---|--------------------------------------|------------|------------|------------|------------|
| Almacenamiento y procesamiento de información | RNA-[A] | 0.0125587 | 0.00347644 | 0.00175349 | 15.442654 |
| | Cromatina-[B] | 0.0234657 | 0.0113258 | 0.0178575 | 1.97627198 |
| | Traducción-[J] | 3.01658 | 0.948214 | 3.84267 | 623.999796 |
| | Transcripción-[K] | 5.34861 | 1.71985 | 6.5409 | 911.841548 |
| | DNA-[L] | 3.8602 | 1.35718 | 3.58512 | 269.249443 |
| Procesos celulares y señalización | Mecanismos de defensa-[V] | 2.5779 | 1.036 | 4.95021 | 1530.55604 |
| | Ciclo Celular-[D] | 0.469715 | 0.173705 | 0.746882 | 158.654487 |
| | Membrana celular- [M] | 3.61531 | 1.18184 | 4.27482 | 525.786995 |
| | Motilidad-[N] | 0.496759 | 0.0913919 | 0.399029 | 162.786976 |
| | Modificaciones postraduccionales-[O] | 2.5877 | 0.92485 | 3.36551 | 415.700561 |
| | Transducción de señales-[T] | 5.97243 | 2.85532 | 9.7084 | 1438.59145 |
| | Secreción-[U] | 1.01968 | 0.26898 | 1.57019 | 504.715754 |
| | Citoesqueleto-[Z] | 0.00098347 | 0.00059068 | 0.00069056 | 0.18461722 |
| Metabolismo | Energía-[C] | 4.93985 | 1.58684 | 4.77233 | 491.81712 |
| | Aminoácidos-[E] | 6.16807 | 1.94538 | 6.35088 | 706.790333 |
| | Nucleótidos-[F] | 1.69493 | 0.529222 | 1.47771 | 187.995181 |
| | Carbohidratos-[G] | 3.87928 | 1.26011 | 3.13103 | 430.347584 |
| | Coenzimas-[H] | 1.66859 | 0.595686 | 1.74062 | 119.524565 |
| | Lípidos-[I] | 2.31834 | 0.83359 | 2.89128 | 306.179883 |
| | Inorgánico-[P] | 4.04553 | 1.91691 | 4.5572 | 49.9974082 |
| | Metabolitos secundarios-[Q] | 1.43508 | 0.474072 | 1.92948 | 319.480461 |
| No caracterizado | Desconocido-[S] | 27.9484 | 10.7772 | 29.0682 | 4275.29413 |
| | Función General-[R] | 16.9 | 69.5082 | 5.07727 | 10815.1647 |

Anexo 7. Gráfico Stekel contra categorías COG.



Anexo 8. Análisis basado en el método descrito por Stekel *et al.*, 2000 aplicado a los KO (Se tomaron KO significativos con mayor puntaje).

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|-----------|----------------|--------------|---------------|---------------|
| K00001 | 397.255 | 340.461 | 376.924 | 2189.36266 |
| K00003 | 1049.96 | 5577.73 | 346.47 | 6529.25837 |
| K00004 | 493.864 | 60.785 | 41.2313 | 1298.69036 |
| K00008 | 1127.35 | 271.466 | 203.823 | 2899.5919 |
| K00010 | 527.009 | 343.811 | 178.563 | 2117.34923 |
| K00012 | 14697.1 | 1259.29 | 1398.96 | 12180.8917 |
| K00013 | 1592.55 | 375.592 | 406.629 | 3907.9595 |
| K00014 | 1086.89 | 723.85 | 566.565 | 3951.04611 |
| K00015 | 289.132 | 230.391 | 109.706 | 1405.92792 |
| K00016 | 322.63 | 104.638 | 39.2193 | 1092.63293 |
| K00018 | 348.247 | 162.73 | 95.6208 | 1368.64933 |
| K00019 | 1466.62 | 784.976 | 529.118 | 4443.45836 |
| K00020 | 1405.13 | 640.398 | 474.573 | 4133.16077 |
| K00023 | 342.518 | 255.326 | 109.386 | 1544.37902 |
| K00024 | 2166.27 | 480.7 | 570.214 | 4863.37717 |
| K00027 | 848.554 | 351.447 | 309.683 | 2810.49088 |
| K00029 | 1804.66 | 968.656 | 777.688 | 5296.41413 |
| K00030 | 1014.75 | 435.66 | 285.749 | 3124.18056 |
| K00031 | 1311.28 | 797.703 | 1148.42 | 4892.36065 |
| K00033 | 1324.13 | 574.085 | 547.475 | 4040.69419 |
| K00034 | 587.623 | 199.402 | 281.772 | 2140.68796 |
| K00036 | 2793.64 | 1251.04 | 587.422 | 6333.50675 |
| K00038 | 185.847 | 84.8318 | 39.4154 | 788.218741 |
| K00039 | 100.745 | 13.797 | 430.417 | 1061.38129 |
| K00040 | 166.334 | 199.398 | 27.3599 | 936.657811 |
| K00042 | 1175.49 | 315.071 | 125.653 | 2896.47958 |
| K00046 | 953.443 | 306.788 | 168.757 | 2669.54955 |
| K00052 | 2494.38 | 969.564 | 1684.77 | 6741.40086 |
| K00053 | 1501.97 | 1504.37 | 2168.01 | 6529.70108 |
| K00055 | 273.79 | 46.5158 | 19.1817 | 826.370278 |
| K00057 | 1013.57 | 545.489 | 296.903 | 3287.33505 |
| K00058 | 4814.56 | 2050.1 | 2345.99 | 9884.50015 |
| K00059 | 18847.1 | 7497.39 | 4731.57 | 16897.81 |
| K00059 | 18847.1 | 7497.39 | 4731.57 | 16897.81 |
| K00060 | 413.337 | 205.939 | 194.149 | 1732.74912 |
| K00064 | 342.811 | 95.7973 | 26.1728 | 1079.73668 |
| K00065 | 2656.66 | 393.725 | 554.634 | 5188.14308 |
| K00066 | 276.351 | 424.413 | 162.466 | 1773.52452 |
| K00067 | 1287.74 | 501.066 | 775.241 | 4149.915 |
| K00067 | 1287.74 | 501.066 | 775.241 | 4149.915 |
| K00074 | 2925.67 | 1537.13 | 946.198 | 7076.1489 |
| K00075 | 1058.98 | 395.209 | 304.362 | 3151.53159 |
| K00077 | 1719.08 | 542.222 | 435.959 | 4316.73073 |
| K00078 | 573.393 | 144.962 | 329.316 | 2087.84649 |
| K00087 | 530.248 | 301.72 | 367.654 | 2338.80641 |
| K00088 | 3384.3 | 1013.35 | 1340.76 | 7302.74991 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K00090 | 510.177 | 68.0014 | 64.8539 | 1393.14846 |
| K00091 | 301.011 | 254.712 | 191.071 | 1609.96458 |
| K00097 | 832.231 | 214.058 | 149.843 | 2318.97481 |
| K00099 | 1556.36 | 648.164 | 476.512 | 4320.4367 |
| K00101 | 921.442 | 347.648 | 270.344 | 2848.51982 |
| K00102 | 441.999 | 317.405 | 210.702 | 1989.49122 |
| K00103 | 133.115 | 107.247 | 25.4803 | 688.65491 |
| K00104 | 2937.14 | 714.833 | 1099.34 | 6401.20495 |
| K00106 | 385.759 | 395.893 | 1106.15 | 3025.13758 |
| K00108 | 2505.46 | 804.574 | 622.67 | 5650.46263 |
| K00109 | 187.562 | 114.883 | 76.9356 | 934.069175 |
| K00111 | 18553.2 | 654.965 | 360.419 | 10922.9196 |
| K00114 | 2126.49 | 1145.34 | 1619.51 | 6519.68341 |
| K00116 | 702.876 | 128.695 | 2.89518 | 1663.22758 |
| K00117 | 3304.35 | 2215.38 | 2760.63 | 9119.49389 |
| K00121 | 3581.25 | 1452.83 | 334.818 | 6852.17696 |
| K00122 | 339.232 | 243.312 | 139.723 | 1573.85921 |
| K00123 | 2180.96 | 15668 | 811.485 | 8689.2317 |
| K00124 | 438.333 | 265.597 | 359.608 | 2119.29368 |
| K00127 | 528.059 | 357.265 | 89.9344 | 1980.30584 |
| K00128 | 7607.82 | 3081.94 | 3685.26 | 12634.1432 |
| K00130 | 715.726 | 324.388 | 2066.47 | 4135.52494 |
| K00132 | 107.769 | 100.49 | 148.175 | 865.444228 |
| K00133 | 2425.97 | 593.612 | 456.115 | 5125.95539 |
| K00134 | 17734.4 | 1204.02 | 1228.85 | 12358.1602 |
| K00135 | 4036.8 | 2043.74 | 1216.83 | 8592.23533 |
| K00137 | 244.745 | 163.931 | 41.9874 | 1066.4687 |
| K00138 | 218.499 | 221.555 | 31.1524 | 1090.79361 |
| K00140 | 1462.72 | 1180.33 | 695.245 | 5042.45183 |
| K00145 | 1214.39 | 478.189 | 417.466 | 3619.42749 |
| K00146 | 534.972 | 122.007 | 268.807 | 1895.92037 |
| K00147 | 797.686 | 410.334 | 177.395 | 2622.08458 |
| K00148 | 174.621 | 120.807 | 35.4938 | 828.89102 |
| K00151 | 237.576 | 54.8067 | 19.6757 | 777.445094 |
| K00153 | 323.866 | 32.6828 | 14.7059 | 873.373214 |
| K00154 | 259.598 | 103.806 | 346.979 | 1492.12333 |
| K00156 | 962.342 | 277.11 | 230.925 | 2735.04204 |
| K00158 | 490.528 | 40.6282 | 193.374 | 1531.84438 |
| K00161 | 1741.64 | 872.107 | 506.996 | 4824.25343 |
| K00162 | 5026.99 | 628.923 | 326.074 | 6994.21355 |
| K00163 | 1770.42 | 1367.77 | 1581.32 | 6332.13286 |
| K00164 | 2803.02 | 1030.51 | 2121.6 | 7361.68312 |
| K00166 | 490.911 | 415.111 | 181.908 | 2168.68799 |
| K00167 | 1166.79 | 444.409 | 370.44 | 3451.23639 |
| K00174 | 3037.43 | 768.254 | 1045.7 | 6502.19276 |
| K00175 | 855.999 | 531.054 | 331.821 | 3103.63849 |
| K00179 | 141.028 | 122.307 | 108.311 | 911.362617 |
| K00184 | 1277.35 | 716.142 | 647.46 | 4272.74652 |
| K00185 | 552.476 | 267.914 | 491.309 | 2478.9934 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K00198 | 1037.07 | 5.2832 | 3.10559 | 1844.55345 |
| K00208 | 1708.2 | 498.664 | 381.477 | 4176.14441 |
| K00215 | 741.116 | 414.57 | 262.211 | 2679.90127 |
| K00216 | 118.089 | 21.0137 | 629.655 | 1358.5892 |
| K00219 | 400.647 | 131.282 | 105.209 | 1420.01164 |
| K00226 | 251.436 | 71.5595 | 65.241 | 947.067166 |
| K00228 | 776.607 | 201.096 | 143.131 | 2205.67438 |
| K00230 | 205.157 | 64.5241 | 18.9328 | 733.181909 |
| K00231 | 552.109 | 200.338 | 172.818 | 1916.45222 |
| K00239 | 4097.75 | 1844.51 | 1249.38 | 8512.65829 |
| K00240 | 1587.41 | 500.959 | 580.05 | 4289.79356 |
| K00241 | 619.793 | 373.03 | 234.945 | 2396.75836 |
| K00242 | 603.798 | 112.223 | 109.706 | 1722.61934 |
| K00244 | 619.744 | 184.138 | 256.184 | 2125.62853 |
| K00245 | 119.411 | 87.2594 | 64.6234 | 706.016425 |
| K00248 | 3004.75 | 1116.4 | 978.481 | 6786.23704 |
| K00249 | 4348.27 | 1872.21 | 1003.11 | 8498.22279 |
| K00252 | 1473.12 | 1135.25 | 622.532 | 4930.88092 |
| K00253 | 850.307 | 400.33 | 357.309 | 2950.87863 |
| K00254 | 787.937 | 300.837 | 281.134 | 2606.03474 |
| K00255 | 139.167 | 139.572 | 286.541 | 1231.5558 |
| K00259 | 1752.88 | 3947.93 | 676.17 | 7165.69951 |
| K00261 | 2053.49 | 1010.81 | 1109.95 | 5912.69138 |
| K00262 | 555.963 | 65.9351 | 120.76 | 1571.06091 |
| K00263 | 964.223 | 245.645 | 288.542 | 2772.78345 |
| K00264 | 179.392 | 40.9941 | 253.679 | 1060.43034 |
| K00265 | 2350.63 | 1277.66 | 1155.14 | 6507.58514 |
| K00266 | 1085.75 | 510.953 | 820.172 | 3954.93028 |
| K00274 | 825.052 | 611.866 | 355.746 | 3196.99877 |
| K00275 | 1342.47 | 249.262 | 475.83 | 3508.87071 |
| K00275 | 1342.47 | 249.262 | 475.83 | 3508.87071 |
| K00276 | 408.332 | 286.709 | 197.476 | 1863.0609 |
| K00278 | 2187.89 | 373.126 | 632.779 | 4803.69175 |
| K00281 | 3421.82 | 698.567 | 474.449 | 6140.18169 |
| K00282 | 996.052 | 251.724 | 216.297 | 2716.16876 |
| K00283 | 1122.34 | 799.62 | 215.938 | 3616.3507 |
| K00284 | 660.255 | 464.886 | 492.01 | 2938.89771 |
| K00285 | 1433.09 | 386.642 | 322.653 | 3627.253 |
| K00286 | 802.597 | 336.163 | 150.334 | 2474.00745 |
| K00287 | 811.474 | 209.253 | 155.841 | 2291.72647 |
| K00294 | 1000.71 | 530.367 | 349.844 | 3324.72825 |
| K00297 | 1247.51 | 492.948 | 371.149 | 3619.49599 |
| K00297 | 1247.51 | 492.948 | 371.149 | 3619.49599 |
| K00301 | 184.456 | 213.226 | 100.6 | 1154.56114 |
| K00302 | 405.495 | 228.038 | 123.26 | 1635.37796 |
| K00303 | 709.233 | 259.71 | 383.499 | 2568.43095 |
| K00304 | 292.133 | 53.8399 | 18.8679 | 877.144433 |
| K00305 | 316.151 | 49.3867 | 14.1706 | 898.454975 |
| K00306 | 113.774 | 180.059 | 24.675 | 780.945393 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K00311 | 1331.46 | 668.188 | 531.972 | 4148.84049 |
| K00315 | 319.1 | 189.444 | 92.9898 | 1358.9126 |
| K00318 | 660.415 | 327.033 | 273.409 | 2447.69455 |
| K00320 | 207.086 | 605.85 | 115.454 | 1797.15747 |
| K00322 | 660.286 | 274.621 | 82.062 | 2042.92677 |
| K00324 | 2884.89 | 694.601 | 588.367 | 5824.4326 |
| K00325 | 1228.35 | 478.491 | 743.751 | 4013.84791 |
| K00330 | 1696.62 | 693.249 | 544.162 | 4613.63173 |
| K00331 | 2207.54 | 951.4 | 278.401 | 5089.50436 |
| K00332 | 1228.72 | 443.405 | 254.684 | 3362.94626 |
| K00333 | 3517.16 | 1184.64 | 683.448 | 6978.0433 |
| K00334 | 1003.62 | 332.549 | 289.642 | 2964.61185 |
| K00335 | 1502.44 | 920.735 | 582.122 | 4697.80546 |
| K00336 | 3634.84 | 611.913 | 652.549 | 6407.67623 |
| K00337 | 4150.13 | 1700.46 | 1039.45 | 8256.31277 |
| K00338 | 773.759 | 411.447 | 308.012 | 2789.55581 |
| K00339 | 1948.33 | 504.811 | 810.095 | 4932.4521 |
| K00340 | 1554.63 | 445.227 | 973.81 | 4580.72031 |
| K00341 | 2518.85 | 1463.66 | 2254.27 | 7591.52719 |
| K00342 | 1976.5 | 4860.98 | 2758.3 | 9240.89335 |
| K00343 | 2023.33 | 839.914 | 1175.53 | 5753.9443 |
| K00344 | 2860.65 | 4272.06 | 1590.37 | 9175.79752 |
| K00354 | 829.232 | 129.253 | 63.4822 | 1997.23363 |
| K00362 | 597.705 | 661.746 | 260.442 | 2786.62682 |
| K00363 | 281.147 | 169.768 | 77.9222 | 1223.56558 |
| K00365 | 216.237 | 135.239 | 67.1334 | 1011.59124 |
| K00366 | 274.081 | 101.976 | 80.7281 | 1086.13718 |
| K00367 | 85.9644 | 142.856 | 56.5765 | 721.689587 |
| K00368 | 787.434 | 179.529 | 154.464 | 2202.91539 |
| K00370 | 202.443 | 189.76 | 42.4927 | 1030.20858 |
| K00372 | 985.962 | 300.738 | 383.691 | 3022.45288 |
| K00375 | 558.039 | 853.473 | 224.106 | 2892.10988 |
| K00376 | 141.636 | 78.5354 | 52.3021 | 710.252501 |
| K00380 | 235.98 | 196.089 | 109.226 | 1244.65947 |
| K00381 | 748.636 | 213.394 | 280.317 | 2405.16572 |
| K00382 | 4737.79 | 2358.1 | 1557.03 | 9556.91061 |
| K00383 | 3249.08 | 291.479 | 155.953 | 4990.23692 |
| K00384 | 5252.63 | 2241.61 | 2413.72 | 10331.9522 |
| K00387 | 412.139 | 115.622 | 125.534 | 1446.84636 |
| K00389 | 205.437 | 74.8985 | 40.0969 | 808.461862 |
| K00390 | 690.054 | 294.535 | 455.231 | 2688.24129 |
| K00390 | 690.054 | 294.535 | 455.231 | 2688.24129 |
| K00392 | 253.656 | 186.904 | 177.138 | 1382.36572 |
| K00404 | 174.814 | 85.5902 | 100.583 | 894.296094 |
| K00405 | 244.621 | 103.755 | 42.4458 | 951.76247 |
| K00406 | 464.35 | 289.006 | 373.249 | 2218.71347 |
| K00411 | 593.825 | 91.862 | 123.113 | 1690.47491 |
| K00412 | 1145.08 | 367.465 | 294.968 | 3208.34599 |
| K00413 | 365.102 | 159.13 | 126.92 | 1450.44631 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K00423 | 203.908 | 64.7977 | 84.4189 | 877.4741 |
| K00425 | 1321.25 | 623.202 | 366.361 | 3871.98772 |
| K00426 | 745.937 | 388.089 | 686.34 | 3179.75889 |
| K00428 | 1122.06 | 634.883 | 1062.91 | 4389.04816 |
| K00432 | 1067.33 | 339.157 | 276.701 | 3039.47281 |
| K00433 | 1208.92 | 613.067 | 361.143 | 3714.36801 |
| K00446 | 152.775 | 60.0324 | 57.4549 | 704.764222 |
| K00448 | 419.683 | 98.3849 | 40.5268 | 1253.84929 |
| K00449 | 651.35 | 164.923 | 139.446 | 1949.84436 |
| K00450 | 523.915 | 282.617 | 111.499 | 1899.9934 |
| K00451 | 954.016 | 576.737 | 591.122 | 3622.76659 |
| K00452 | 304.759 | 99.6307 | 54.7793 | 1084.58412 |
| K00453 | 957.137 | 550.9 | 391.476 | 3349.22474 |
| K00457 | 1092.23 | 569.128 | 374.359 | 3528.27638 |
| K00459 | 991.126 | 413.522 | 401.297 | 3220.77421 |
| K00472 | 466.871 | 113.568 | 113.533 | 1513.07047 |
| K00479 | 418.514 | 463.037 | 95.4397 | 1961.01761 |
| K00480 | 854.708 | 274.282 | 468.289 | 2909.87035 |
| K00481 | 499.489 | 372.259 | 98.3663 | 1972.6041 |
| K00483 | 339.935 | 279.931 | 141.999 | 1638.64946 |
| K00485 | 149.443 | 31.2009 | 76.6784 | 668.79641 |
| K00499 | 252.483 | 154.924 | 175.788 | 1319.96282 |
| K00500 | 532.401 | 196.238 | 166.124 | 1866.58862 |
| K00505 | 296.988 | 3677.22 | 61.6481 | 4188.91882 |
| K00507 | 1342.47 | 559.19 | 349.037 | 3792.65883 |
| K00508 | 222.506 | 65.5515 | 323.039 | 1305.61973 |
| K00523 | 154.419 | 99.6887 | 250.282 | 1132.30135 |
| K00525 | 2467.66 | 1430.11 | 1679.71 | 7157.86109 |
| K00526 | 392.258 | 196.097 | 238.626 | 1749.4646 |
| K00528 | 707.959 | 388.234 | 349.272 | 2717.6525 |
| K00529 | 1014.81 | 334.265 | 171.269 | 2798.01607 |
| K00537 | 861.592 | 169.615 | 343.706 | 2578.85454 |
| K00548 | 3377.27 | 1892.64 | 2114.6 | 8602.2472 |
| K00549 | 2283.36 | 1564.99 | 787.733 | 6357.75928 |
| K00554 | 1405.44 | 1516.02 | 351.566 | 4869.05846 |
| K00558 | 631.564 | 166.39 | 78.0654 | 1806.88772 |
| K00560 | 964.603 | 314.244 | 431.31 | 3076.84778 |
| K00560 | 964.603 | 314.244 | 431.31 | 3076.84778 |
| K00566 | 1198.82 | 421.538 | 719.358 | 3872.36359 |
| K00567 | 1219.72 | 557.211 | 322.31 | 3603.02755 |
| K00568 | 601.257 | 288.158 | 195.031 | 2175.67578 |
| K00570 | 252.845 | 119.614 | 201.689 | 1295.75298 |
| K00571 | 937.774 | 208.692 | 157.943 | 2469.67637 |
| K00573 | 1955.17 | 536.848 | 711.407 | 4880.24031 |
| K00574 | 1722.82 | 593.916 | 540.582 | 4515.5359 |
| K00575 | 1192 | 464.011 | 2943.91 | 5435.60156 |
| K00595 | 139.358 | 128.351 | 4.61573 | 686.047229 |
| K00598 | 265.28 | 111.625 | 13.1153 | 934.257635 |
| K00600 | 2104.68 | 1103.92 | 3514.56 | 7429.41751 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K00602 | 2325.54 | 1261.77 | 1476.12 | 6723.5436 |
| K00603 | 121.722 | 106.979 | 99.6928 | 821.932077 |
| K00604 | 1218.75 | 535.044 | 441.157 | 3731.244 |
| K00605 | 2434.89 | 1175.27 | 1002.31 | 6355.53519 |
| K00606 | 2549.9 | 601.606 | 969.453 | 5800.66817 |
| K00609 | 2565.92 | 635.972 | 549.699 | 5422.92487 |
| K00611 | 2108.98 | 824.056 | 248.256 | 4807.02886 |
| K00612 | 1679.94 | 839.844 | 1255.33 | 5455.05801 |
| K00615 | 4069.98 | 2529.39 | 1119.98 | 8866.58739 |
| K00616 | 2374.96 | 790.347 | 730.087 | 5627.58919 |
| K00619 | 447.236 | 101.266 | 113.165 | 1454.85816 |
| K00620 | 751.652 | 508.499 | 316.062 | 2902.96683 |
| K00625 | 395.997 | 164.565 | 351.908 | 1863.28216 |
| K00626 | 8013.43 | 4097.16 | 4819.75 | 13631.0775 |
| K00627 | 3834.74 | 1209.67 | 1724.37 | 8125.70512 |
| K00631 | 252.906 | 134.602 | 116.711 | 1179.12464 |
| K00632 | 1619.4 | 655.346 | 358.348 | 4247.58962 |
| K00633 | 167.044 | 197.816 | 21.9512 | 921.756997 |
| K00634 | 1107.72 | 0 | 0 | 1904.53807 |
| K00639 | 1711.65 | 432.688 | 652.167 | 4415.1779 |
| K00640 | 972.324 | 315.92 | 304.29 | 2918.45928 |
| K00641 | 1005.51 | 603.235 | 425.875 | 3525.75458 |
| K00643 | 515.304 | 128.441 | 60.6923 | 1516.99567 |
| K00645 | 1473.3 | 468.092 | 666.462 | 4211.17223 |
| K00647 | 560.903 | 111.56 | 65.4849 | 1566.87246 |
| K00648 | 2581.82 | 1460.64 | 1506.31 | 7167.47654 |
| K00652 | 1038.35 | 458.134 | 1107.43 | 4088.62196 |
| K00655 | 1773.33 | 908.063 | 430.585 | 4803.02977 |
| K00656 | 579.731 | 302.965 | 132.895 | 2059.75702 |
| K00657 | 461.316 | 143.077 | 74.1565 | 1484.41922 |
| K00658 | 2507.6 | 826.62 | 1809.18 | 6681.34182 |
| K00661 | 277.013 | 238.38 | 482.278 | 1945.73092 |
| K00662 | 144.68 | 122.217 | 43.1397 | 785.69631 |
| K00663 | 252.683 | 42.8945 | 18.4933 | 775.59337 |
| K00665 | 230.359 | 61.545 | 12.2689 | 758.552393 |
| K00666 | 5371.78 | 2113.06 | 1505.76 | 9746.63972 |
| K00673 | 188.304 | 120.049 | 80.2254 | 952.420792 |
| K00674 | 1927 | 713.93 | 326.149 | 4606.52559 |
| K00675 | 216.284 | 131.89 | 75.1661 | 1021.81683 |
| K00677 | 1215.96 | 241.47 | 212.423 | 2976.01401 |
| K00681 | 4234.7 | 1982.11 | 1382.83 | 8820.41083 |
| K00684 | 1011.1 | 374.602 | 286.802 | 3033.24473 |
| K00688 | 2460.87 | 1833.9 | 1146.35 | 7079.03647 |
| K00694 | 213.61 | 114.247 | 124.409 | 1076.4647 |
| K00697 | 1366.73 | 596.187 | 390.03 | 3924.23744 |
| K00700 | 1947.33 | 1199.63 | 603.093 | 5492.39382 |
| K00703 | 924.243 | 417.898 | 345.447 | 3061.94636 |
| K00705 | 1159.91 | 531.932 | 626.635 | 3873.54696 |
| K00705 | 1159.91 | 531.932 | 626.635 | 3873.54696 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K00721 | 1060.51 | 501.164 | 339.342 | 3350.16679 |
| K00729 | 77.8805 | 96.5767 | 137.704 | 768.377485 |
| K00748 | 731.069 | 418.606 | 154.777 | 2499.24489 |
| K00756 | 191.074 | 134.527 | 415.963 | 1508.86147 |
| K00758 | 240.365 | 230.787 | 6.32213 | 1082.96409 |
| K00759 | 1309.26 | 460.658 | 296.571 | 3547.31008 |
| K00760 | 1083.35 | 297.486 | 266.739 | 2981.36823 |
| K00761 | 785.21 | 219.592 | 237.117 | 2403.78208 |
| K00762 | 927.283 | 392.585 | 222.603 | 2850.11034 |
| K00763 | 565.02 | 388.465 | 242.259 | 2345.26599 |
| K00764 | 2002.23 | 3003.07 | 787.033 | 7070.22415 |
| K00765 | 793.736 | 328.911 | 285.058 | 2663.42627 |
| K00766 | 2394.5 | 361.633 | 392.346 | 4696.89474 |
| K00767 | 935.71 | 509.47 | 878.235 | 3811.21787 |
| K00768 | 181.878 | 95.9328 | 1.99203 | 702.815748 |
| K00772 | 804.752 | 202.881 | 195.755 | 2337.74422 |
| K00773 | 3385.3 | 519.599 | 1015.51 | 6453.90435 |
| K00782 | 436.082 | 113.382 | 39.1848 | 1308.85933 |
| K00783 | 400.38 | 200.774 | 78.8156 | 1494.94001 |
| K00784 | 450.44 | 209.522 | 236.778 | 1869.13432 |
| K00788 | 844.886 | 250.736 | 413.164 | 2787.96337 |
| K00789 | 2792.85 | 607.504 | 2197.47 | 6916.82612 |
| K00790 | 2259.94 | 917.424 | 1777.16 | 6524.45553 |
| K00791 | 1179.1 | 383.213 | 417.745 | 3441.78396 |
| K00793 | 975.724 | 314.034 | 182.172 | 2733.13664 |
| K00794 | 660.34 | 359.951 | 193.122 | 2372.99714 |
| K00795 | 518.447 | 126.969 | 267.924 | 1877.70241 |
| K00796 | 2094.88 | 1113.5 | 2785.66 | 7126.55897 |
| K00797 | 458.482 | 239.47 | 306.063 | 2035.77966 |
| K00798 | 875.627 | 207.334 | 208.723 | 2465.87987 |
| K00799 | 6871.57 | 1735.44 | 1419.28 | 10210.8407 |
| K00800 | 1141.41 | 468.996 | 347.471 | 3421.89599 |
| K00803 | 186.023 | 357.342 | 45.5708 | 1273.88935 |
| K00806 | 876.055 | 544.792 | 884.524 | 3782.07386 |
| K00808 | 242.272 | 80.3888 | 43.6398 | 901.328169 |
| K00809 | 557.171 | 294.871 | 241.676 | 2190.62027 |
| K00812 | 3015.65 | 1047.57 | 1587.81 | 7218.62785 |
| K00817 | 1824.66 | 890.448 | 471.557 | 4890.56181 |
| K00819 | 223.671 | 151.913 | 108.243 | 1138.93587 |
| K00820 | 4529.61 | 1915.44 | 2405.6 | 9628.05349 |
| K00821 | 2621.3 | 845.395 | 1617.28 | 6676.76852 |
| K00822 | 266.483 | 155.416 | 262.06 | 1483.56569 |
| K00823 | 1149.83 | 546.787 | 268.529 | 3424.11249 |
| K00824 | 334.064 | 181.263 | 183.497 | 1532.64715 |
| K00826 | 5296.19 | 1262.44 | 3364.97 | 10001.9258 |
| K00827 | 81.9554 | 87.664 | 115.116 | 718.831653 |
| K00830 | 676.685 | 463.758 | 210.661 | 2574.10806 |
| K00831 | 5472.55 | 503.88 | 491.18 | 7319.74019 |
| K00832 | 418.33 | 164.39 | 297.728 | 1825.44802 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K00833 | 975.468 | 327.937 | 208.331 | 2796.58291 |
| K00845 | 1433.77 | 613.353 | 666.072 | 4355.02499 |
| K00847 | 636.175 | 517.401 | 117.955 | 2427.52004 |
| K00848 | 325.729 | 118.528 | 148.247 | 1340.54829 |
| K00849 | 593.301 | 229.442 | 750.118 | 2770.34535 |
| K00850 | 392.45 | 261.534 | 108.245 | 1640.46695 |
| K00851 | 464.243 | 150.845 | 168.838 | 1678.01345 |
| K00852 | 722.502 | 254.897 | 177.157 | 2275.79111 |
| K00853 | 380.076 | 117.435 | 47.4654 | 1239.45695 |
| K00854 | 1029 | 431.037 | 257.118 | 3094.14916 |
| K00856 | 554.59 | 141.765 | 112.107 | 1707.30742 |
| K00857 | 847.776 | 295.928 | 453.068 | 2915.52267 |
| K00858 | 902.847 | 456.704 | 336.606 | 3074.86314 |
| K00859 | 624.964 | 248.661 | 302.37 | 2311.65279 |
| K00860 | 336.275 | 226.212 | 81.2392 | 1430.32656 |
| K00864 | 2162.14 | 1115.53 | 793.814 | 5832.5033 |
| K00865 | 176.347 | 67.5647 | 42.8991 | 739.22209 |
| K00867 | 375.923 | 293.033 | 5.93258 | 1432.92379 |
| K00868 | 315.905 | 48.8792 | 25.7006 | 927.008799 |
| K00872 | 833.937 | 148.864 | 129.418 | 2168.83004 |
| K00873 | 2236.72 | 1158.84 | 921.181 | 6073.62747 |
| K00874 | 839.814 | 270.836 | 317.156 | 2683.80537 |
| K00876 | 564.868 | 200.496 | 126.801 | 1856.91255 |
| K00882 | 135.22 | 140.875 | 39.9607 | 793.640861 |
| K00883 | 246.499 | 80.114 | 72.8668 | 971.836018 |
| K00886 | 253.607 | 134.435 | 83.8972 | 1117.38045 |
| K00891 | 747.006 | 254.309 | 176.385 | 2309.4012 |
| K00901 | 270.711 | 105.968 | 195.549 | 1292.83143 |
| K00903 | 236.182 | 147.981 | 85.4129 | 1112.21389 |
| K00912 | 345.73 | 170.789 | 235.526 | 1617.65049 |
| K00919 | 1091.82 | 195.638 | 185.572 | 2697.24509 |
| K00925 | 964.004 | 573.651 | 194.272 | 3101.09895 |
| K00926 | 1485.22 | 165.611 | 73.4646 | 2920.56397 |
| K00927 | 1653.41 | 831.211 | 527.669 | 4706.52038 |
| K00927 | 1653.41 | 831.211 | 527.669 | 4706.52038 |
| K00928 | 2191.83 | 880.023 | 1355.3 | 6113.57736 |
| K00930 | 1110.97 | 368.475 | 405.737 | 3317.99811 |
| K00931 | 1025.52 | 208.931 | 265.814 | 2759.0979 |
| K00936 | 315.219 | 158.93 | 66.0482 | 1242.56881 |
| K00937 | 2773.7 | 1729.95 | 2147.03 | 7985.17127 |
| K00939 | 1870.62 | 598.012 | 916.906 | 5076.56433 |
| K00940 | 1167.78 | 457.324 | 565.35 | 3713.16983 |
| K00941 | 781.147 | 223.708 | 176.673 | 2308.33005 |
| K00942 | 1375.83 | 390.983 | 573.101 | 3883.21155 |
| K00943 | 2197.04 | 355.287 | 431.862 | 4547.45276 |
| K00945 | 1288.4 | 424.77 | 364.43 | 3566.42577 |
| K00946 | 664.941 | 249.703 | 389.826 | 2494.33151 |
| K00948 | 1558.74 | 1533.35 | 1107.53 | 5870.92863 |
| K00950 | 654.957 | 295.557 | 171.057 | 2230.03009 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K00951 | 2812.62 | 886.96 | 868.966 | 6276.91737 |
| K00954 | 1471.93 | 421.502 | 401.716 | 3829.73743 |
| K00955 | 2315.25 | 2770.61 | 469.288 | 6890.96887 |
| K00956 | 308.512 | 165.161 | 149.624 | 1399.72524 |
| K00957 | 1605.11 | 516.646 | 554.227 | 4300.76432 |
| K00958 | 535.694 | 740.053 | 206.567 | 2699.3725 |
| K00962 | 2165.94 | 1845.41 | 1107.86 | 6770.1106 |
| K00963 | 2798.49 | 546.699 | 342.056 | 5255.9002 |
| K00965 | 692.626 | 369.598 | 125.496 | 2319.80768 |
| K00966 | 523.557 | 497.417 | 195.92 | 2358.54288 |
| K00969 | 1302.04 | 457.107 | 263.109 | 3484.59676 |
| K00970 | 1218.56 | 933.443 | 475.512 | 4244.9415 |
| K00971 | 854.182 | 277.968 | 211.623 | 2557.81288 |
| K00973 | 2242.68 | 497.099 | 3269.76 | 6774.99621 |
| K00974 | 447.445 | 376.862 | 306.86 | 2232.41401 |
| K00975 | 1168.25 | 417.912 | 668.322 | 3774.13846 |
| K00978 | 433.121 | 1459.1 | 1664.07 | 4709.64945 |
| K00979 | 817.157 | 378.282 | 622.244 | 3197.46663 |
| K00981 | 1449.4 | 1022.99 | 178.101 | 4196.70764 |
| K00982 | 1245.02 | 539.265 | 338.132 | 3633.02482 |
| K00986 | 289.957 | 248.191 | 85.6894 | 1390.88266 |
| K00989 | 1436.82 | 595.278 | 982.784 | 4652.19052 |
| K00990 | 795.252 | 543.411 | 313.458 | 3008.25535 |
| K00991 | 641.23 | 6875.6 | 105.396 | 5896.36391 |
| K00992 | 1027.02 | 155.31 | 106.698 | 2401.88552 |
| K00995 | 1478.79 | 435.976 | 292.929 | 3708.69512 |
| K00997 | 562.563 | 257.663 | 129.646 | 1954.65597 |
| K01000 | 2603.46 | 699.384 | 377.523 | 5319.58023 |
| K01001 | 17.5125 | 15227.6 | 2.7027 | 4551.35001 |
| K01004 | 229.112 | 80.8329 | 62.02 | 916.805209 |
| K01006 | 2230.93 | 1756.85 | 754.992 | 6430.80675 |
| K01007 | 1994.8 | 1064.65 | 609.04 | 5414.76072 |
| K01008 | 687.31 | 274.073 | 219.1 | 2322.51888 |
| K01011 | 1872.69 | 618.669 | 489.312 | 4646.24303 |
| K01012 | 788.525 | 216.187 | 209.823 | 2360.05791 |
| K01026 | 316.115 | 100.277 | 37.9484 | 1068.92431 |
| K01028 | 758.475 | 2931.95 | 225.445 | 4838.4494 |
| K01029 | 344.497 | 194.824 | 802.279 | 2350.35598 |
| K01031 | 169.009 | 29.1786 | 692.243 | 1559.29508 |
| K01032 | 212.158 | 58.5614 | 25.7657 | 751.342957 |
| K01039 | 306.532 | 121.71 | 114.091 | 1250.33185 |
| K01040 | 177.178 | 140.698 | 70.336 | 949.086297 |
| K01042 | 497.414 | 480.106 | 181.597 | 2269.28104 |
| K01047 | 1542.27 | 8.44974 | 2.47638 | 2469.78743 |
| K01051 | 171.212 | 113.029 | 85.0545 | 912.719297 |
| K01053 | 1966.77 | 891.151 | 632.501 | 5229.42856 |
| K01055 | 262.164 | 233.127 | 88.9931 | 1319.88029 |
| K01056 | 577.952 | 383.602 | 341.81 | 2502.78173 |
| K01057 | 558.928 | 261.879 | 228.749 | 2120.7558 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01061 | 2085.67 | 1210.69 | 1277.51 | 6284.73862 |
| K01066 | 539.081 | 1338.65 | 145.396 | 3220.36308 |
| K01069 | 791.58 | 359.574 | 201.096 | 2578.14755 |
| K01070 | 648.342 | 161.989 | 174.122 | 1999.48943 |
| K01077 | 334.449 | 224.406 | 155.205 | 1560.5977 |
| K01079 | 573.21 | 184.803 | 136.646 | 1860.11064 |
| K01081 | 947.398 | 476.352 | 333.245 | 3157.92585 |
| K01081 | 947.398 | 476.352 | 333.245 | 3157.92585 |
| K01081 | 947.398 | 476.352 | 333.245 | 3157.92585 |
| K01082 | 367.099 | 182.061 | 77.0431 | 1400.31657 |
| K01083 | 185.943 | 83.594 | 66.8737 | 845.981676 |
| K01087 | 387.768 | 291.817 | 66.5544 | 1598.45992 |
| K01089 | 118.687 | 151.675 | 369.322 | 1324.55604 |
| K01090 | 367.013 | 162.187 | 92.175 | 1394.30053 |
| K01091 | 2547.68 | 518.034 | 259.001 | 4872.52225 |
| K01092 | 2869.84 | 571.605 | 629.899 | 5705.4484 |
| K01095 | 287.852 | 120.824 | 62.3257 | 1111.76779 |
| K01104 | 865.013 | 286.794 | 190.848 | 2553.5469 |
| K01113 | 1774.51 | 910.801 | 1271.94 | 5649.89563 |
| K01114 | 252.122 | 264.918 | 131.4 | 1432.37823 |
| K01118 | 328.725 | 160.065 | 101.194 | 1339.31831 |
| K01119 | 170.068 | 60.9009 | 55.402 | 738.982456 |
| K01126 | 2270.55 | 721.185 | 589.88 | 5293.1228 |
| K01129 | 1806.21 | 324.684 | 289.964 | 3906.45351 |
| K01130 | 3117.05 | 2059.25 | 723.248 | 7429.53626 |
| K01130 | 3117.05 | 2059.25 | 723.248 | 7429.53626 |
| K01131 | 759.3 | 45.9479 | 101.996 | 1797.82755 |
| K01132 | 67.329 | 143.103 | 130.794 | 821.496187 |
| K01133 | 248.041 | 93.779 | 87.762 | 1033.48188 |
| K01134 | 509.471 | 141.438 | 113.656 | 1637.21419 |
| K01136 | 99.2944 | 68.4705 | 91.632 | 674.092798 |
| K01137 | 223.011 | 107.165 | 207.59 | 1222.17799 |
| K01138 | 283.422 | 71.0955 | 60.4989 | 996.880107 |
| K01139 | 450.601 | 227.727 | 472.009 | 2222.9515 |
| K01142 | 2925.25 | 901.141 | 1260.16 | 6737.84948 |
| K01147 | 261.109 | 66.7195 | 166.565 | 1143.75507 |
| K01151 | 563.532 | 343.375 | 165.883 | 2153.61411 |
| K01151 | 563.532 | 343.375 | 165.883 | 2153.61411 |
| K01153 | 622.295 | 519.325 | 439.992 | 2889.90788 |
| K01154 | 417.96 | 80.9636 | 63.1676 | 1264.32507 |
| K01156 | 174.451 | 77.84 | 60.7514 | 796.957479 |
| K01159 | 1078.05 | 574.319 | 375.622 | 3518.29006 |
| K01173 | 120.092 | 233.881 | 135.801 | 1115.96489 |
| K01176 | 574.326 | 207.991 | 89.9702 | 1815.55688 |
| K01177 | 408.575 | 7.38916 | 0 | 906.114976 |
| K01178 | 174.644 | 63.3951 | 91.6738 | 828.541527 |
| K01179 | 437.352 | 432.591 | 317.497 | 2310.5126 |
| K01179 | 437.352 | 432.591 | 317.497 | 2310.5126 |
| K01181 | 437.211 | 261.086 | 134.511 | 1764.40503 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01182 | 240.427 | 58.0082 | 50.8682 | 864.582998 |
| K01183 | 276.272 | 249.279 | 123.366 | 1438.39856 |
| K01186 | 227.954 | 46.6519 | 54.5535 | 821.810919 |
| K01187 | 3137.01 | 1287.93 | 771.107 | 6861.32351 |
| K01190 | 531.99 | 341.522 | 344.123 | 2370.68351 |
| K01191 | 372.189 | 352.202 | 135.601 | 1796.23641 |
| K01192 | 213.022 | 276.682 | 56.8707 | 1229.17076 |
| K01193 | 439.403 | 681.104 | 130.269 | 2342.11071 |
| K01194 | 290.34 | 185.312 | 139.231 | 1384.08413 |
| K01195 | 132.755 | 185.429 | 44.3649 | 879.876723 |
| K01198 | 390.79 | 250.957 | 142.377 | 1682.27923 |
| K01198 | 390.79 | 250.957 | 142.377 | 1682.27923 |
| K01201 | 190.668 | 122.988 | 58.2619 | 917.475974 |
| K01206 | 608.547 | 396.072 | 530.256 | 2809.01741 |
| K01207 | 1028.91 | 622.174 | 399.832 | 3546.69412 |
| K01209 | 719.699 | 317.275 | 831.824 | 3185.6638 |
| K01214 | 3175.46 | 2664.94 | 946.667 | 8105.80253 |
| K01223 | 134.162 | 197.697 | 70.6371 | 961.230861 |
| K01224 | 67.4556 | 124.882 | 81.8099 | 694.336643 |
| K01235 | 179.034 | 138.033 | 115.929 | 1036.68874 |
| K01236 | 1742.12 | 705.911 | 300.106 | 4362.97021 |
| K01239 | 190.217 | 183.082 | 43.3017 | 995.320744 |
| K01241 | 443.78 | 272.495 | 147.673 | 1817.12379 |
| K01243 | 98.7508 | 95.2564 | 190.012 | 904.334818 |
| K01246 | 999.672 | 571.469 | 375.966 | 3412.17827 |
| K01247 | 1029.34 | 672.936 | 315.266 | 3494.74594 |
| K01251 | 2225.1 | 1020.8 | 1497.79 | 6404.33673 |
| K01253 | 9757.83 | 863.974 | 1313.67 | 10500.7943 |
| K01253 | 9757.83 | 863.974 | 1313.67 | 10500.7943 |
| K01254 | 254.19 | 96.2939 | 68.7922 | 1012.22303 |
| K01255 | 1343.75 | 1964.85 | 1187.76 | 6033.73978 |
| K01256 | 2083.64 | 834.834 | 465.472 | 5090.49209 |
| K01258 | 307.514 | 263.186 | 89.059 | 1454.59362 |
| K01259 | 1232.27 | 377.59 | 423.729 | 3507.64208 |
| K01262 | 2480.54 | 1007.39 | 838.557 | 6074.28372 |
| K01265 | 1751.93 | 540.379 | 780.262 | 4740.69893 |
| K01266 | 505.765 | 101.215 | 459.782 | 2066.28638 |
| K01271 | 445.182 | 352.182 | 121.893 | 1896.94236 |
| K01273 | 1724.12 | 574.816 | 815.365 | 4790.51413 |
| K01277 | 202.066 | 202.749 | 123.051 | 1214.34167 |
| K01278 | 1346.45 | 453.451 | 1419.31 | 4721.82606 |
| K01279 | 2162.77 | 1.83486 | 32.7285 | 3190.47137 |
| K01283 | 397.29 | 201.256 | 248.302 | 1781.9505 |
| K01284 | 1658.65 | 402.486 | 463.935 | 4093.96274 |
| K01286 | 776.668 | 283.946 | 192.739 | 2427.06335 |
| K01295 | 953.423 | 237.713 | 213.888 | 2632.04155 |
| K01297 | 595.479 | 221.548 | 145.183 | 1973.72852 |
| K01299 | 510.829 | 200.688 | 298.972 | 2045.75143 |
| K01301 | 364.928 | 223.273 | 146.249 | 1597.58085 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01302 | 313.34 | 204.125 | 167.845 | 1509.02492 |
| K01303 | 884.605 | 233.737 | 188.912 | 2491.2015 |
| K01322 | 1966.88 | 941.112 | 2184.61 | 6506.55322 |
| K01338 | 5515.1 | 3637.08 | 3048.95 | 11599.1557 |
| K01342 | 800.389 | 476.819 | 174.947 | 2714.66968 |
| K01354 | 1214.1 | 645.551 | 1421.39 | 4812.26948 |
| K01356 | 1079.19 | 513.974 | 276.623 | 3302.22791 |
| K01358 | 2692.97 | 886.166 | 1005.41 | 6297.98339 |
| K01400 | 182.107 | 122.578 | 90.0216 | 964.018939 |
| K01406 | 327.486 | 55.7705 | 96.5084 | 1116.6166 |
| K01409 | 1613.83 | 667.936 | 341.68 | 4233.92158 |
| K01414 | 364.661 | 271.075 | 99.6533 | 1590.93781 |
| K01415 | 171.148 | 91.6502 | 72.8526 | 844.524389 |
| K01419 | 632.678 | 163.923 | 654.714 | 2614.64516 |
| K01420 | 497.631 | 138.633 | 112.769 | 1610.97787 |
| K01421 | 79.6379 | 499.486 | 4.16594 | 1131.71366 |
| K01424 | 657.607 | 608.295 | 331.772 | 2914.98152 |
| K01425 | 403.351 | 320.094 | 88.6125 | 1714.12913 |
| K01426 | 3103.85 | 1856.68 | 2250.89 | 8428.81025 |
| K01428 | 860.55 | 457.884 | 227.935 | 2858.80177 |
| K01429 | 252.608 | 70.5321 | 130.112 | 1072.33484 |
| K01430 | 299.139 | 185.56 | 128.802 | 1382.27102 |
| K01431 | 359.192 | 106.845 | 324.945 | 1651.05521 |
| K01432 | 103.521 | 156.816 | 52.2584 | 779.673826 |
| K01433 | 511.934 | 179.006 | 48.1012 | 1578.05441 |
| K01434 | 1815.01 | 725.451 | 614.991 | 4861.89085 |
| K01436 | 1020.69 | 629.813 | 320.111 | 3437.18583 |
| K01438 | 958.981 | 514.364 | 1760.93 | 4555.71124 |
| K01439 | 1202.06 | 386.363 | 1038.67 | 4135.8931 |
| K01443 | 1068.37 | 640.324 | 230.223 | 3380.14017 |
| K01444 | 227.869 | 161.771 | 145.191 | 1232.35681 |
| K01446 | 475.569 | 31.5378 | 1.07066 | 1090.83754 |
| K01448 | 985.758 | 475.052 | 430.513 | 3337.2465 |
| K01455 | 116.179 | 87.0462 | 56.1246 | 680.150369 |
| K01462 | 2148.33 | 581.49 | 1360.18 | 5721.38977 |
| K01464 | 1741.56 | 985.079 | 790.415 | 5258.46337 |
| K01465 | 4793.67 | 1232.33 | 1033.92 | 8277.48289 |
| K01466 | 612.269 | 211.576 | 105.859 | 1911.31427 |
| K01467 | 202.326 | 242.995 | 171.452 | 1367.60985 |
| K01468 | 888.551 | 336.532 | 495.93 | 3087.87159 |
| K01469 | 1351.29 | 1314.11 | 360.644 | 4636.84802 |
| K01470 | 1083.86 | 480.355 | 219.837 | 3176.79358 |
| K01473 | 2308.43 | 948.263 | 576.7 | 5569.59114 |
| K01474 | 2803.06 | 844.688 | 1604.03 | 6829.53171 |
| K01476 | 1000.37 | 595.954 | 441.78 | 3530.00087 |
| K01477 | 235.945 | 106.46 | 151.687 | 1153.43528 |
| K01478 | 311.481 | 199.774 | 165.722 | 1494.46693 |
| K01479 | 163.461 | 100.237 | 72.8871 | 846.100357 |
| K01480 | 683.287 | 298.416 | 233.56 | 2377.64028 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01482 | 414.872 | 82.1545 | 118.078 | 1369.31794 |
| K01484 | 188.641 | 75.4416 | 84.2094 | 869.348711 |
| K01485 | 347.355 | 219.182 | 104.648 | 1483.847 |
| K01486 | 285.842 | 244.001 | 104.864 | 1413.35434 |
| K01487 | 336.882 | 203.657 | 237.377 | 1662.80337 |
| K01488 | 461.018 | 316.058 | 224.466 | 2040.94458 |
| K01489 | 788.768 | 960.792 | 165.727 | 3260.60124 |
| K01491 | 1488.34 | 866.389 | 885.387 | 4940.63891 |
| K01494 | 2314.1 | 546.938 | 369.595 | 4846.8472 |
| K01495 | 1496.09 | 815.084 | 465.363 | 4434.3778 |
| K01496 | 480.135 | 129.034 | 174.71 | 1672.79575 |
| K01497 | 396.512 | 122.422 | 199.447 | 1559.35091 |
| K01501 | 449.47 | 115.381 | 134.173 | 1525.19929 |
| K01507 | 1422.31 | 537.819 | 320.327 | 3819.87962 |
| K01512 | 699.173 | 175.605 | 112.465 | 1992.01506 |
| K01515 | 1369.43 | 359.194 | 327.795 | 3518.7691 |
| K01520 | 698.965 | 203.661 | 245.543 | 2263.46511 |
| K01523 | 242.728 | 66.9438 | 61.4524 | 912.04161 |
| K01524 | 1661.99 | 714.881 | 829.252 | 4908.79446 |
| K01525 | 241.303 | 41.705 | 102.375 | 932.926071 |
| K01530 | 183.698 | 94.0115 | 35.0373 | 792.729841 |
| K01533 | 1068.3 | 366.651 | 506.384 | 3386.40508 |
| K01534 | 566.401 | 446.445 | 70.8818 | 2131.41979 |
| K01537 | 1536.97 | 1162.86 | 608.759 | 5016.08166 |
| K01546 | 468.006 | 316.38 | 410.837 | 2317.12196 |
| K01547 | 257.119 | 229.833 | 79.4547 | 1285.73647 |
| K01548 | 129.681 | 109.422 | 23.3313 | 680.003131 |
| K01551 | 205.339 | 166.311 | 94.3289 | 1102.27404 |
| K01555 | 445.857 | 238.685 | 132.889 | 1739.22484 |
| K01556 | 897.091 | 336.752 | 409.018 | 2990.68734 |
| K01557 | 251.022 | 85.7607 | 42.6696 | 927.476023 |
| K01560 | 541.628 | 369.661 | 147.527 | 2126.50144 |
| K01561 | 675.758 | 295.555 | 108.304 | 2150.22686 |
| K01563 | 445.169 | 191.794 | 121.254 | 1636.823 |
| K01576 | 199.29 | 85.1374 | 44.2459 | 827.422548 |
| K01577 | 318.549 | 32.9576 | 32.897 | 910.706929 |
| K01579 | 597.997 | 129.943 | 96.0667 | 1722.43143 |
| K01580 | 140.939 | 93.8043 | 73.1646 | 785.080401 |
| K01581 | 336.701 | 143.493 | 122.017 | 1361.72823 |
| K01581 | 336.701 | 143.493 | 122.017 | 1361.72823 |
| K01584 | 251.794 | 109.663 | 47.4317 | 988.808796 |
| K01585 | 499.411 | 377.753 | 363.684 | 2398.54017 |
| K01586 | 2143.09 | 1040.96 | 695.617 | 5636.01705 |
| K01588 | 961.578 | 424.511 | 547.798 | 3378.14153 |
| K01589 | 1178.54 | 905.631 | 308.446 | 3943.93238 |
| K01591 | 566.225 | 522.649 | 414.052 | 2773.83285 |
| K01592 | 176.138 | 119.392 | 76.8467 | 919.143252 |
| K01593 | 602.095 | 218.306 | 167.043 | 2016.07055 |
| K01595 | 771.965 | 636.135 | 436.789 | 3258.08799 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01596 | 2899.19 | 392.519 | 700.007 | 5563.47356 |
| K01599 | 1270.6 | 451.166 | 3125.63 | 5593.45425 |
| K01601 | 233.9 | 87.0328 | 50.5933 | 914.637112 |
| K01607 | 762.821 | 462.148 | 446.231 | 3029.8593 |
| K01609 | 921.21 | 291.3 | 431.984 | 2983.08319 |
| K01610 | 1013.05 | 1286.07 | 422.124 | 4266.38257 |
| K01613 | 704.105 | 386.872 | 284.414 | 2618.36401 |
| K01619 | 625.676 | 281.782 | 211.773 | 2230.05691 |
| K01620 | 1300.19 | 567.23 | 262.905 | 3628.93825 |
| K01621 | 956.285 | 1393.2 | 225.398 | 4011.41908 |
| K01623 | 583.636 | 235.311 | 413.697 | 2376.95429 |
| K01624 | 433.989 | 311.071 | 147.124 | 1860.51056 |
| K01625 | 1184.18 | 228.736 | 154.827 | 2819.94848 |
| K01626 | 1178.42 | 626.772 | 282.369 | 3582.5421 |
| K01627 | 1986.34 | 258.888 | 487.728 | 4254.56887 |
| K01628 | 521.445 | 305.903 | 105.59 | 1921.57223 |
| K01630 | 347.139 | 89.2764 | 1261.84 | 2569.18634 |
| K01631 | 232.68 | 64.7121 | 33.3288 | 824.36061 |
| K01633 | 443.572 | 177.497 | 98.5627 | 1566.26033 |
| K01637 | 486.191 | 445.479 | 450.452 | 2586.75595 |
| K01638 | 1296.43 | 588.346 | 706.872 | 4203.26702 |
| K01640 | 900.467 | 623.187 | 324.147 | 3272.63428 |
| K01644 | 1572.7 | 399.205 | 633.744 | 4192.35411 |
| K01647 | 3419.24 | 1064.45 | 1639.85 | 7604.34035 |
| K01649 | 5026.09 | 3066.03 | 1019.54 | 9740.82467 |
| K01652 | 6265.98 | 2802.66 | 1898.56 | 10970.5109 |
| K01653 | 977.864 | 966.581 | 316.707 | 3760.57771 |
| K01654 | 513.544 | 103.531 | 73.7194 | 1492.02359 |
| K01657 | 1773.85 | 1857.86 | 821.915 | 6107.85479 |
| K01658 | 985.938 | 1760.22 | 1184.59 | 5420.38293 |
| K01659 | 115.71 | 85.5801 | 228.244 | 984.034234 |
| K01661 | 827.023 | 203.178 | 145.242 | 2284.85834 |
| K01662 | 2258.69 | 1115.53 | 1308.05 | 6387.98332 |
| K01665 | 611.515 | 114.748 | 1110.36 | 2931.39169 |
| K01669 | 579.394 | 317.231 | 217.367 | 2222.70688 |
| K01673 | 1579.96 | 678.357 | 512.288 | 4427.65258 |
| K01676 | 605.94 | 313.594 | 208.069 | 2243.68264 |
| K01677 | 145.571 | 416.713 | 25.5802 | 1227.57069 |
| K01679 | 1417.84 | 714.683 | 698.444 | 4494.91038 |
| K01681 | 8567.27 | 2639.85 | 2134.25 | 12075.8112 |
| K01682 | 174.165 | 112.07 | 38.577 | 817.897163 |
| K01684 | 2016.24 | 598.188 | 649.001 | 4954.89344 |
| K01685 | 374.645 | 346.598 | 384.314 | 2169.04204 |
| K01686 | 467.51 | 378.329 | 135.673 | 1997.77412 |
| K01687 | 4810.17 | 2586.58 | 1071.7 | 9365.98475 |
| K01689 | 2250.27 | 1668 | 831.438 | 6455.32531 |
| K01690 | 389.727 | 110.514 | 129.147 | 1404.52279 |
| K01692 | 2645.38 | 1084.2 | 585.494 | 6035.84277 |
| K01693 | 1250.79 | 239.994 | 467.701 | 3371.92114 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01695 | 1263.96 | 540.833 | 1015.04 | 4404.18649 |
| K01696 | 1238.78 | 528.286 | 1376.37 | 4658.90872 |
| K01697 | 1612.29 | 801.125 | 800.231 | 4924.60246 |
| K01698 | 1604.94 | 646.753 | 442.989 | 4331.72263 |
| K01703 | 2513.43 | 1350.03 | 2021.93 | 7349.50468 |
| K01704 | 1226.59 | 347.008 | 981.706 | 4056.5263 |
| K01706 | 393.102 | 187.897 | 162.544 | 1613.80194 |
| K01709 | 255.722 | 116.49 | 273.92 | 1406.21609 |
| K01710 | 4088.62 | 3549.79 | 1087.38 | 9424.82115 |
| K01711 | 2515.7 | 727.083 | 961.981 | 5915.24684 |
| K01712 | 11407.5 | 828.187 | 431.147 | 10089.226 |
| K01714 | 5559.2 | 1156.1 | 1058.14 | 8696.94915 |
| K01715 | 1881.59 | 605.658 | 1179.95 | 5332.71385 |
| K01719 | 278.028 | 146.392 | 454.271 | 1750.73052 |
| K01720 | 372.003 | 115.819 | 172.256 | 1458.90721 |
| K01721 | 421.354 | 159.634 | 76.8895 | 1453.49001 |
| K01724 | 1009.55 | 579.789 | 213.806 | 3201.09246 |
| K01727 | 10.9522 | 8.08722 | 1373.83 | 1730.3166 |
| K01733 | 2756.42 | 1177.57 | 1396.92 | 6981.77036 |
| K01734 | 137.953 | 139.324 | 90.0133 | 902.349782 |
| K01735 | 1783.49 | 350.309 | 296.409 | 3930.13872 |
| K01736 | 1150.8 | 656.883 | 538.753 | 3919.75925 |
| K01737 | 1175.58 | 488.783 | 300.197 | 3425.79537 |
| K01738 | 3235.93 | 2193.87 | 528.024 | 7405.91519 |
| K01739 | 1328.27 | 706.524 | 903.143 | 4585.20421 |
| K01740 | 6084.65 | 477.388 | 231.084 | 7276.59884 |
| K01744 | 1037.16 | 664.353 | 348.23 | 3540.46239 |
| K01745 | 1116.41 | 722.366 | 654.231 | 4086.11096 |
| K01749 | 1365.53 | 443.257 | 329.365 | 3637.34713 |
| K01750 | 360.057 | 152.802 | 57.4046 | 1293.65739 |
| K01752 | 784.523 | 378.32 | 275.628 | 2710.24974 |
| K01754 | 3775.18 | 1636.41 | 1336.53 | 8178.62453 |
| K01755 | 1783.36 | 622.941 | 881.154 | 4980.44771 |
| K01756 | 1638.99 | 742.615 | 1067.79 | 5139.343 |
| K01758 | 1223.55 | 419.431 | 1597.89 | 4655.17578 |
| K01759 | 968.047 | 477.745 | 208.106 | 3001.97105 |
| K01760 | 633.335 | 183.877 | 169.867 | 2009.00807 |
| K01761 | 692.705 | 322.576 | 191.264 | 2362.07186 |
| K01768 | 13078.4 | 2237.15 | 1636.3 | 12839.5722 |
| K01768 | 13078.4 | 2237.15 | 1636.3 | 12839.5722 |
| K01770 | 468.51 | 191.022 | 81.8326 | 1599.20058 |
| K01772 | 1101.62 | 419.8 | 544.054 | 3551.40162 |
| K01775 | 1094.01 | 379.374 | 330.92 | 3211.41358 |
| K01776 | 1524.44 | 352.774 | 263.851 | 3598.21566 |
| K01777 | 254.335 | 105.562 | 95.2473 | 1084.31704 |
| K01778 | 770.543 | 334.787 | 174.084 | 2466.40257 |
| K01779 | 532.975 | 234.422 | 366.596 | 2233.04271 |
| K01781 | 211.456 | 86.5056 | 51.3685 | 870.753732 |
| K01782 | 905.599 | 395.222 | 357.925 | 3020.98417 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01783 | 1308.06 | 534.449 | 1142.23 | 4561.52534 |
| K01784 | 6163.3 | 5576.26 | 1892.39 | 12100.1239 |
| K01785 | 1032.17 | 578.369 | 641.606 | 3785.68295 |
| K01790 | 1549.78 | 555.368 | 386.404 | 4080.51754 |
| K01791 | 1346.64 | 720.17 | 407.786 | 4075.33052 |
| K01796 | 598.113 | 370.173 | 613.306 | 2851.03407 |
| K01799 | 655.311 | 109.231 | 112.836 | 1801.32484 |
| K01800 | 383.215 | 197.79 | 134.542 | 1565.2216 |
| K01801 | 104.392 | 102.636 | 56.1998 | 685.562459 |
| K01802 | 1290.34 | 384.616 | 377.347 | 3528.4985 |
| K01803 | 1725.22 | 456.941 | 391.545 | 4151.23635 |
| K01804 | 171.579 | 187.37 | 78.0588 | 1038.53147 |
| K01805 | 631.642 | 644.912 | 221.263 | 2758.26919 |
| K01807 | 342.863 | 322.412 | 102.398 | 1637.98841 |
| K01808 | 1711.76 | 3281.26 | 163.239 | 6120.2962 |
| K01809 | 466.061 | 212.259 | 151.32 | 1760.76758 |
| K01810 | 1443.74 | 688.791 | 454.651 | 4212.79016 |
| K01811 | 686.946 | 265.99 | 344.822 | 2493.24746 |
| K01812 | 213.185 | 121.033 | 150.895 | 1135.99092 |
| K01814 | 908.024 | 378.488 | 202.941 | 2772.09812 |
| K01814 | 908.024 | 378.488 | 202.941 | 2772.09812 |
| K01815 | 155.017 | 76.5583 | 51.173 | 732.39497 |
| K01816 | 733.966 | 260.798 | 225.215 | 2379.60315 |
| K01817 | 437.258 | 238.004 | 173.598 | 1793.96427 |
| K01820 | 172.703 | 113.667 | 157.178 | 1049.51538 |
| K01821 | 360.635 | 53.6806 | 52.9298 | 1082.1052 |
| K01823 | 198.364 | 73.4613 | 80.5897 | 877.685778 |
| K01834 | 924.375 | 454.585 | 238.755 | 2958.96213 |
| K01835 | 1138.75 | 328.646 | 230.519 | 3045.73985 |
| K01839 | 618.719 | 262.677 | 426.212 | 2492.54464 |
| K01840 | 1137.86 | 548.247 | 535.969 | 3762.80785 |
| K01843 | 232.929 | 190.301 | 190.661 | 1370.37082 |
| K01845 | 2733.54 | 1348 | 2022.61 | 7548.52256 |
| K01847 | 421.583 | 295.106 | 300.134 | 2055.00426 |
| K01848 | 3834.38 | 928.007 | 1509.77 | 7688.5145 |
| K01849 | 519.858 | 431.616 | 221.885 | 2303.40402 |
| K01854 | 1411.98 | 356.557 | 333.515 | 3573.28643 |
| K01856 | 177.449 | 121.705 | 15.2606 | 785.553978 |
| K01857 | 686.235 | 143.951 | 49.3439 | 1787.26553 |
| K01858 | 1357.12 | 569.884 | 668.671 | 4211.80823 |
| K01866 | 1106.7 | 629.551 | 666.552 | 3974.53446 |
| K01867 | 1669.16 | 555.889 | 1407.7 | 5222.01444 |
| K01868 | 2913.51 | 1128.25 | 1770.68 | 7337.93083 |
| K01869 | 4794.17 | 2021.19 | 2080.45 | 9699.34092 |
| K01870 | 3163.66 | 2051.82 | 1456.2 | 8110.54485 |
| K01872 | 3290.87 | 1843 | 1344.77 | 7972.2668 |
| K01873 | 3703.13 | 1520.96 | 3344.75 | 9145.64613 |
| K01874 | 2574.2 | 892.488 | 985.146 | 6178.40806 |
| K01875 | 2111.82 | 971.338 | 1790.06 | 6443.90394 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01876 | 3157.18 | 961.821 | 1742.64 | 7355.2957 |
| K01878 | 720.848 | 201.151 | 461.432 | 2587.43944 |
| K01879 | 1424.54 | 534.002 | 728.465 | 4308.99457 |
| K01880 | 1109.32 | 573.631 | 325.065 | 3488.58621 |
| K01881 | 1993.21 | 762.275 | 956.155 | 5440.3369 |
| K01883 | 2374.4 | 974.118 | 1033.28 | 6122.6537 |
| K01885 | 4447.45 | 1307.74 | 2009.59 | 8837.8884 |
| K01886 | 2544.18 | 599.176 | 881.723 | 5709.30717 |
| K01887 | 1446.57 | 921.357 | 762.66 | 4829.70425 |
| K01889 | 9597.88 | 564.246 | 702.45 | 9528.81671 |
| K01890 | 1957.13 | 960.089 | 799.586 | 5470.47657 |
| K01892 | 2210.64 | 612.217 | 383.133 | 4847.60888 |
| K01893 | 1506.07 | 603.179 | 374.813 | 4076.19897 |
| K01894 | 425.56 | 257.479 | 191.493 | 1835.79601 |
| K01895 | 4094.98 | 2671.53 | 2319.87 | 9796.94122 |
| K01897 | 8669.74 | 3973.66 | 3062.83 | 13282.168 |
| K01899 | 336.911 | 0 | 0 | 753.416034 |
| K01902 | 3324.58 | 706.009 | 1469.83 | 7012.16147 |
| K01903 | 2041.86 | 908.452 | 721.78 | 5422.02011 |
| K01904 | 102.611 | 182.504 | 354.158 | 1323.38834 |
| K01907 | 1128.23 | 337.84 | 178.63 | 2963.1341 |
| K01908 | 701.742 | 663.89 | 150.94 | 2771.39973 |
| K01911 | 336.165 | 94.7848 | 42.761 | 1105.16173 |
| K01912 | 1104.18 | 768.762 | 434.8 | 3865.89937 |
| K01915 | 6087.69 | 2287.61 | 1984.1 | 10599.5192 |
| K01916 | 970.042 | 396.816 | 189.579 | 2861.25646 |
| K01918 | 1517.69 | 720.707 | 238.179 | 4037.86926 |
| K01919 | 796.434 | 216.197 | 367.17 | 2600.76755 |
| K01920 | 435.679 | 194.839 | 141.006 | 1661.63175 |
| K01921 | 1686.02 | 1046.81 | 1679.8 | 6000.1772 |
| K01923 | 2313.97 | 2604.52 | 599.852 | 6942.67265 |
| K01924 | 1248.24 | 752.982 | 888.355 | 4528.19635 |
| K01925 | 902.593 | 525.26 | 571.734 | 3463.48392 |
| K01926 | 358.384 | 199.56 | 316.018 | 1809.88817 |
| K01928 | 1962.06 | 725.639 | 1377.13 | 5722.17882 |
| K01929 | 1267.38 | 645.919 | 343.48 | 3803.40071 |
| K01933 | 1124.72 | 665.267 | 365.414 | 3678.40662 |
| K01934 | 371.072 | 224.675 | 112.801 | 1550.53985 |
| K01935 | 173.098 | 91.8232 | 103.222 | 908.792369 |
| K01935 | 173.098 | 91.8232 | 103.222 | 908.792369 |
| K01937 | 4568.3 | 1014.95 | 1523.15 | 8308.65687 |
| K01938 | 833.752 | 304.486 | 178.233 | 2516.80781 |
| K01939 | 2447.06 | 834.884 | 767.208 | 5784.87193 |
| K01940 | 1882.11 | 642.399 | 506.981 | 4707.15074 |
| K01941 | 167.37 | 491.047 | 70.8725 | 1478.88823 |
| K01945 | 2159.46 | 890.776 | 509.635 | 5282.51491 |
| K01950 | 1512.11 | 830.896 | 454.654 | 4457.27484 |
| K01951 | 8481.76 | 1066.77 | 989.324 | 9966.99508 |
| K01952 | 5159.73 | 1776.4 | 1960.36 | 9670.60011 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K01953 | 28349.1 | 3653.16 | 3341.23 | 14911.4571 |
| K01955 | 6084.19 | 1975.2 | 3272.99 | 11015.2444 |
| K01956 | 2111.85 | 621.184 | 1158.87 | 5571.42115 |
| K01958 | 1359.24 | 297.788 | 238.41 | 3282.14732 |
| K01961 | 2799.03 | 1562.99 | 2861.77 | 8237.8817 |
| K01962 | 958.032 | 483.757 | 553.584 | 3462.23407 |
| K01962 | 958.032 | 483.757 | 553.584 | 3462.23407 |
| K01963 | 1352.98 | 338.954 | 351.034 | 3500.86109 |
| K01965 | 454.459 | 262.884 | 208.13 | 1920.13487 |
| K01966 | 3234.31 | 1042.27 | 2261.6 | 7820.40927 |
| K01968 | 1990.19 | 662.415 | 232.139 | 4471.94894 |
| K01969 | 888.032 | 436.852 | 460.139 | 3189.12234 |
| K01971 | 9321.72 | 3044.4 | 1895.97 | 12454.4225 |
| K01972 | 2204.28 | 821.636 | 887.579 | 5655.93207 |
| K01974 | 206.888 | 172.919 | 57.4253 | 1042.21594 |
| K01975 | 543.46 | 226.286 | 150.812 | 1909.66835 |
| K01989 | 14360.2 | 14983.1 | 2385.58 | 15535.3637 |
| K01989 | 14360.2 | 14983.1 | 2385.58 | 15535.3637 |
| K01990 | 30155.2 | 8467.81 | 7002.63 | 16736.507 |
| K01991 | 1570.94 | 591.896 | 493.946 | 4288.02533 |
| K01992 | 15814.8 | 5979.71 | 1909.05 | 15151.8136 |
| K01993 | 312.574 | 311.705 | 159.879 | 1669.90066 |
| K01995 | 7827.33 | 4894.05 | 3327.37 | 13406.8849 |
| K01995 | 7827.33 | 4894.05 | 3327.37 | 13406.8849 |
| K01995 | 7827.33 | 4894.05 | 3327.37 | 13406.8849 |
| K01995 | 7827.33 | 4894.05 | 3327.37 | 13406.8849 |
| K01996 | 12036.6 | 1985.92 | 3216.88 | 13265.0044 |
| K01997 | 4687.29 | 1939.27 | 977.348 | 8754.45385 |
| K01997 | 4687.29 | 1939.27 | 977.348 | 8754.45385 |
| K01998 | 3688.93 | 1624.03 | 970.66 | 7791.21349 |
| K01999 | 5177.18 | 2616.9 | 1659.11 | 10075.1463 |
| K02000 | 353.834 | 1155.71 | 109.5 | 2670.46855 |
| K02001 | 465.983 | 95.5887 | 49.7457 | 1346.8658 |
| K02001 | 465.983 | 95.5887 | 49.7457 | 1346.8658 |
| K02002 | 300.67 | 180 | 108.57 | 1338.00965 |
| K02003 | 8031.94 | 2202.69 | 5754.93 | 12772.713 |
| K02003 | 8031.94 | 2202.69 | 5754.93 | 12772.713 |
| K02004 | 14139.4 | 6322.96 | 6507.71 | 16416.0298 |
| K02005 | 1480.98 | 596.541 | 584.286 | 4297.53884 |
| K02010 | 2072.03 | 1124.94 | 1309.59 | 6213.00082 |
| K02011 | 3068.6 | 841.232 | 383.332 | 5899.39767 |
| K02012 | 1899.28 | 894.8 | 743.356 | 5282.2109 |
| K02013 | 1861.16 | 858.237 | 1199.17 | 5625.28867 |
| K02014 | 9222.75 | 4353.69 | 4771.52 | 14203.7704 |
| K02015 | 1664.19 | 765 | 844.056 | 4984.69553 |
| K02016 | 2126.97 | 1151.77 | 415.862 | 5403.07002 |
| K02017 | 422.994 | 364.322 | 194.274 | 2001.77631 |
| K02017 | 422.994 | 364.322 | 194.274 | 2001.77631 |
| K02018 | 593.85 | 229.244 | 564.627 | 2567.55708 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K02020 | 641.551 | 311.174 | 183.957 | 2255.51134 |
| K02021 | 170.184 | 193.65 | 28.3398 | 937.120582 |
| K02022 | 180.313 | 837.138 | 62.294 | 1912.06331 |
| K02025 | 4834.94 | 2009.5 | 1485.35 | 9322.33948 |
| K02025 | 4834.94 | 2009.5 | 1485.35 | 9322.33948 |
| K02026 | 6145.09 | 2328.9 | 1105.91 | 10018.1019 |
| K02027 | 3629.63 | 1922.77 | 1157.78 | 8148.8208 |
| K02028 | 2172.96 | 3787.09 | 810.719 | 7668.46254 |
| K02028 | 2172.96 | 3787.09 | 810.719 | 7668.46254 |
| K02029 | 2279.1 | 747.185 | 495.92 | 5221.32396 |
| K02029 | 2279.1 | 747.185 | 495.92 | 5221.32396 |
| K02030 | 1775.06 | 760.343 | 349.13 | 4531.48108 |
| K02031 | 3177.09 | 8905.17 | 1241.23 | 10257.9481 |
| K02031 | 3177.09 | 8905.17 | 1241.23 | 10257.9481 |
| K02031 | 3177.09 | 8905.17 | 1241.23 | 10257.9481 |
| K02032 | 3106 | 5390.4 | 2025.23 | 10072.8824 |
| K02033 | 9744.86 | 34430.5 | 5315.4 | 8782.37439 |
| K02033 | 9744.86 | 34430.5 | 5315.4 | 8782.37439 |
| K02034 | 9669.46 | 10711.8 | 3299.37 | 15046.3899 |
| K02035 | 10808.9 | 5627.99 | 3920.94 | 14932.3349 |
| K02036 | 2984.87 | 685.612 | 506.935 | 5804.15903 |
| K02037 | 1974.09 | 740.266 | 515.195 | 4930.85125 |
| K02037 | 1974.09 | 740.266 | 515.195 | 4930.85125 |
| K02038 | 1463.26 | 476.274 | 397.763 | 3890.6411 |
| K02039 | 1682.03 | 582.082 | 520.715 | 4432.07089 |
| K02040 | 1955.29 | 1221.52 | 705.877 | 5634.41978 |
| K02041 | 103.793 | 180.596 | 69.2155 | 859.606031 |
| K02042 | 162.491 | 250.614 | 88.8229 | 1148.56142 |
| K02044 | 1180.37 | 169.239 | 113.441 | 2637.38003 |
| K02045 | 652.619 | 330.899 | 200.493 | 2329.5487 |
| K02046 | 1073.22 | 346.991 | 802.675 | 3689.50216 |
| K02047 | 813.302 | 380.847 | 177.848 | 2602.44725 |
| K02048 | 1135.92 | 445.985 | 349.576 | 3385.98653 |
| K02049 | 3513.53 | 1077.85 | 1259.08 | 7405.84311 |
| K02050 | 3267.21 | 1076.69 | 878.923 | 6871.05779 |
| K02050 | 3267.21 | 1076.69 | 878.923 | 6871.05779 |
| K02051 | 4081.36 | 1953.09 | 1163.03 | 8512.09046 |
| K02052 | 670.087 | 898.345 | 1572.54 | 4475.46295 |
| K02053 | 1283.06 | 306.38 | 272.531 | 3254.86788 |
| K02053 | 1283.06 | 306.38 | 272.531 | 3254.86788 |
| K02054 | 858.489 | 266.082 | 95.8922 | 2343.77333 |
| K02055 | 1448.94 | 1712.26 | 183.825 | 4833.70634 |
| K02056 | 3780.86 | 1480.85 | 540.437 | 7291.3799 |
| K02057 | 2688.15 | 1047.59 | 679.846 | 6142.21982 |
| K02058 | 949.215 | 296.879 | 152.618 | 2620.80861 |
| K02065 | 2504.64 | 592.453 | 8083.61 | 7978.09965 |
| K02066 | 2250.85 | 838.027 | 967.13 | 5795.26294 |
| K02067 | 1829.97 | 750.794 | 817.857 | 5122.41915 |
| K02071 | 118.383 | 239.539 | 259.935 | 1323.07145 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K02073 | 146.623 | 97.2158 | 61.8019 | 780.784018 |
| K02075 | 413.74 | 89.8204 | 22.8215 | 1183.16598 |
| K02077 | 427.083 | 217.951 | 271.342 | 1896.27642 |
| K02078 | 2137.33 | 2071.42 | 557.667 | 6361.05409 |
| K02083 | 315.641 | 96.7856 | 54.1349 | 1097.34767 |
| K02108 | 1111.21 | 484.949 | 256.454 | 3274.53598 |
| K02109 | 1135.88 | 309.183 | 167.424 | 2910.20572 |
| K02110 | 481.933 | 317.443 | 98.05 | 1860.71334 |
| K02111 | 2892.97 | 1762.99 | 944.918 | 7233.04932 |
| K02112 | 1867.75 | 963.103 | 1069.93 | 5635.0081 |
| K02113 | 1313.27 | 413.089 | 263.721 | 3437.32665 |
| K02113 | 1313.27 | 413.089 | 263.721 | 3437.32665 |
| K02114 | 1424.61 | 430.191 | 210.983 | 3513.31391 |
| K02115 | 1634.79 | 533.033 | 411.678 | 4180.32611 |
| K02116 | 251.218 | 39.8051 | 70.6918 | 884.861599 |
| K02160 | 1085.28 | 153.871 | 399.825 | 2925.54222 |
| K02168 | 340.811 | 94.1398 | 89.235 | 1209.88941 |
| K02169 | 300.859 | 32.5235 | 12.8834 | 825.70077 |
| K02170 | 277.138 | 40.0341 | 3.19395 | 770.599732 |
| K02182 | 660.581 | 333.858 | 96.829 | 2164.7425 |
| K02192 | 152.456 | 56.4176 | 64.3884 | 710.600892 |
| K02193 | 584.399 | 888.253 | 583.953 | 3447.38277 |
| K02194 | 204.116 | 141.244 | 162.636 | 1176.83386 |
| K02195 | 903.657 | 294.26 | 479.41 | 3023.18265 |
| K02196 | 476.197 | 30.1533 | 82.759 | 1284.73132 |
| K02197 | 785.849 | 126.96 | 198.924 | 2176.99036 |
| K02198 | 797.539 | 551.966 | 557.425 | 3334.78735 |
| K02199 | 1168.94 | 587.63 | 597.379 | 3924.13037 |
| K02200 | 255.321 | 241.807 | 133.971 | 1405.26136 |
| K02201 | 98.8898 | 422.269 | 3.2967 | 1068.10805 |
| K02204 | 495.231 | 84.9412 | 61.5512 | 1398.42722 |
| K02217 | 258.472 | 98.5866 | 46.1019 | 976.23542 |
| K02221 | 350.694 | 275.56 | 213.707 | 1770.35142 |
| K02224 | 187.624 | 65.7572 | 157.396 | 980.467916 |
| K02227 | 365.285 | 87.6927 | 64.7539 | 1190.41697 |
| K02230 | 362.242 | 235.229 | 149.62 | 1618.81581 |
| K02231 | 267.158 | 122.66 | 8.91954 | 947.561667 |
| K02232 | 463.585 | 394.222 | 140.354 | 2022.68399 |
| K02237 | 347.176 | 139.044 | 101.995 | 1334.80071 |
| K02238 | 970.152 | 564.162 | 547.845 | 3578.24143 |
| K02258 | 460.066 | 130.92 | 331.947 | 1881.53156 |
| K02259 | 861.101 | 390.598 | 207.318 | 2731.86943 |
| K02274 | 2076.49 | 1724.47 | 1628.67 | 6990.4043 |
| K02275 | 1722.42 | 1133.14 | 630.092 | 5218.04097 |
| K02276 | 1092.43 | 529.831 | 1047.76 | 4203.25357 |
| K02277 | 751.146 | 129.103 | 66.6021 | 1891.68109 |
| K02278 | 353.471 | 137.363 | 120.958 | 1378.2206 |
| K02279 | 519.451 | 337.058 | 226.272 | 2171.65203 |
| K02280 | 897.743 | 770.931 | 1196.13 | 4368.87425 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K02282 | 2878.53 | 438.386 | 233.145 | 5021.12236 |
| K02283 | 3569.75 | 843.86 | 1111.93 | 7078.04007 |
| K02283 | 3569.75 | 843.86 | 1111.93 | 7078.04007 |
| K02291 | 497.652 | 236.886 | 94.815 | 1751.25192 |
| K02298 | 885.345 | 108.681 | 73.6269 | 2056.18175 |
| K02299 | 309.417 | 89.9709 | 112.226 | 1188.08034 |
| K02301 | 1446.45 | 484.319 | 332.109 | 3793.29378 |
| K02302 | 338.614 | 76.2023 | 113.943 | 1215.14613 |
| K02303 | 311.821 | 144.738 | 68.6226 | 1215.29001 |
| K02313 | 3064.24 | 1135.09 | 814.494 | 6697.66358 |
| K02314 | 2082.1 | 1544.74 | 1085.24 | 6421.63661 |
| K02315 | 169.932 | 105.867 | 53.2074 | 829.551019 |
| K02316 | 1107.57 | 1193.77 | 434.002 | 4317.25829 |
| K02335 | 3821.6 | 2263.98 | 2369.39 | 9358.48975 |
| K02335 | 3821.6 | 2263.98 | 2369.39 | 9358.48975 |
| K02337 | 5360 | 1826.83 | 1562.61 | 9566.66184 |
| K02338 | 1651.13 | 824.545 | 1021.29 | 5205.41346 |
| K02339 | 120.233 | 86.2773 | 67.1036 | 710.993285 |
| K02340 | 621.195 | 193.718 | 144.508 | 1964.26564 |
| K02341 | 6265.09 | 345.222 | 274.923 | 7250.99581 |
| K02342 | 1063.84 | 894.262 | 338.381 | 3826.73987 |
| K02343 | 1710.65 | 872.359 | 1644.36 | 5817.64776 |
| K02346 | 1799.64 | 706.728 | 486.255 | 4672.22255 |
| K02347 | 994.893 | 758.952 | 330.259 | 3572.34842 |
| K02355 | 7969.09 | 2885.7 | 3036.13 | 12429.9769 |
| K02356 | 1514.29 | 446.366 | 835.484 | 4403.88703 |
| K02357 | 1186.59 | 507.815 | 560.822 | 3800.20708 |
| K02358 | 5225.97 | 664.378 | 1530.79 | 8341.84275 |
| K02361 | 248.375 | 24.1539 | 13.4401 | 706.295928 |
| K01093 | 237.511 | 96.4783 | 418.634 | 1529.74688 |
| K02371 | 452.779 | 201.11 | 127.026 | 1676.37971 |
| K02372 | 2499.33 | 452.477 | 862.764 | 5455.18146 |
| K02377 | 476.203 | 556.032 | 1904.38 | 3988.11745 |
| K02379 | 414.682 | 551.359 | 185.98 | 2233.05033 |
| K02380 | 457.682 | 99.0216 | 29.1052 | 1292.17588 |
| K02388 | 207.168 | 62.6278 | 21.1954 | 738.894306 |
| K02389 | 506.236 | 107.304 | 39.995 | 1414.80432 |
| K02390 | 1258.22 | 163.85 | 102.546 | 2703.89403 |
| K02391 | 204.064 | 97.2453 | 23.2216 | 812.026189 |
| K02392 | 571.361 | 271.304 | 156.459 | 2037.7467 |
| K02393 | 136.699 | 365.217 | 38.1462 | 1163.83645 |
| K02394 | 289.837 | 180.539 | 103.331 | 1308.94294 |
| K02396 | 435.217 | 168.188 | 58.3919 | 1454.12085 |
| K02397 | 209.301 | 57.4307 | 33.4889 | 761.895376 |
| K02400 | 400.258 | 377.037 | 293.457 | 2133.101 |
| K02401 | 402.187 | 125.982 | 49.014 | 1298.04873 |
| K02405 | 797.385 | 362.562 | 193.797 | 2579.07951 |
| K02406 | 827.227 | 328.55 | 216.111 | 2606.01388 |
| K02407 | 1087.48 | 119.996 | 65.0718 | 2330.99966 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K02408 | 134.294 | 139.314 | 310.505 | 1254.82629 |
| K02409 | 626.529 | 325.958 | 99.3563 | 2105.76577 |
| K02410 | 499.348 | 112.69 | 130.649 | 1596.02067 |
| K02412 | 415.538 | 179.734 | 55.8179 | 1435.91032 |
| K02416 | 254.583 | 94.4024 | 58.2754 | 986.887095 |
| K02417 | 332.986 | 29.6023 | 28.9786 | 918.894494 |
| K02419 | 560.119 | 219.335 | 155.084 | 1931.72066 |
| K02420 | 317.668 | 88.3829 | 160.631 | 1286.03555 |
| K02421 | 638.112 | 44.9329 | 243.879 | 1854.76658 |
| K02426 | 446.017 | 224.387 | 55.3768 | 1564.22737 |
| K02427 | 632.371 | 221.504 | 150.162 | 2039.19893 |
| K02428 | 1043.45 | 374.051 | 276.277 | 3059.66884 |
| K02429 | 397.65 | 176.097 | 122.063 | 1529.37362 |
| K02431 | 260.047 | 63.8675 | 9.75377 | 814.14545 |
| K02433 | 6110.95 | 1468.59 | 1746.91 | 9827.42813 |
| K02434 | 2202.18 | 972.103 | 1467.93 | 6308.796 |
| K02435 | 566.856 | 157.532 | 148.159 | 1821.01638 |
| K02437 | 3499.84 | 1866.72 | 478.197 | 7316.70806 |
| K02438 | 648.931 | 44.913 | 28.0705 | 1474.64371 |
| K02440 | 270.816 | 217.66 | 78.952 | 1290.25139 |
| K02444 | 99.356 | 68.5609 | 379.873 | 1127.18953 |
| K02446 | 544.849 | 367.226 | 224.62 | 2254.92919 |
| K02450 | 433.704 | 275.339 | 560.094 | 2378.42752 |
| K02453 | 619.843 | 340.301 | 1017.98 | 3246.91713 |
| K02454 | 1353.94 | 1081.81 | 1431.39 | 5475.22388 |
| K02455 | 696.67 | 276.061 | 198.092 | 2306.17418 |
| K02456 | 848.61 | 293.468 | 189.658 | 2539.23952 |
| K02469 | 4080.29 | 1833.19 | 2237.24 | 9160.10422 |
| K02470 | 7373.59 | 6821.13 | 2574.81 | 13402.7374 |
| K02471 | 251.822 | 227.239 | 199.042 | 1484.37793 |
| K02472 | 187.07 | 80.9792 | 317.878 | 1260.43264 |
| K02473 | 199.712 | 78.8179 | 165.981 | 1048.3092 |
| K02474 | 518.826 | 140.086 | 195.325 | 1790.97371 |
| K02477 | 2699.52 | 1191.14 | 1559.86 | 7065.11252 |
| K02478 | 1083.88 | 656.862 | 540.432 | 3835.96762 |
| K02479 | 11171.2 | 1651.5 | 2014.34 | 12173.9913 |
| K02480 | 476.527 | 223.59 | 982.479 | 2800.19242 |
| K02481 | 3125.17 | 1424.87 | 2057.37 | 7976.69208 |
| K02482 | 336.779 | 133.369 | 76.3959 | 1255.03746 |
| K02483 | 8807.07 | 2070.77 | 7885.26 | 13163.3946 |
| K02484 | 500.868 | 656.619 | 430.121 | 2860.29743 |
| K02485 | 1436.56 | 648.344 | 730.136 | 4470.23904 |
| K02486 | 1255.51 | 538.913 | 469.04 | 3816.77281 |
| K02488 | 1412.4 | 398.203 | 860.601 | 4241.72915 |
| K02491 | 138.646 | 233.771 | 108.863 | 1107.75133 |
| K02492 | 838.303 | 373.241 | 624.033 | 3221.9179 |
| K02493 | 1735.02 | 693.491 | 341.713 | 4398.87628 |
| K02495 | 179.795 | 95.9867 | 49.9487 | 822.821681 |
| K02499 | 412.311 | 118.009 | 116.202 | 1434.77591 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K02500 | 975.732 | 370.612 | 204.881 | 2855.42089 |
| K02501 | 736.537 | 261.29 | 253.047 | 2426.85968 |
| K02502 | 224.225 | 105.743 | 42.8978 | 916.846387 |
| K02503 | 1900.69 | 556.338 | 784.535 | 4924.73216 |
| K02510 | 936.466 | 290.158 | 231.433 | 2721.58676 |
| K02517 | 909.227 | 268.215 | 229.108 | 2645.78259 |
| K02518 | 1611.91 | 255.537 | 578.804 | 3954.53208 |
| K02519 | 2277.48 | 1026.86 | 875.508 | 5937.07203 |
| K02520 | 1580.82 | 318.572 | 215.327 | 3536.10266 |
| K02523 | 992.867 | 915.043 | 274.288 | 3664.3455 |
| K02525 | 36.0421 | 124.132 | 325.581 | 1008.51311 |
| K02527 | 439.858 | 369.654 | 243.922 | 2116.31594 |
| K02528 | 1186.01 | 417.485 | 447.421 | 3537.70468 |
| K02529 | 5408.29 | 3769.45 | 1453.3 | 10689.9504 |
| K02533 | 856.824 | 193.484 | 89.6142 | 2207.05565 |
| K02535 | 4325.91 | 229.679 | 537.132 | 6232.52904 |
| K02536 | 660.13 | 410.053 | 233.407 | 2509.51258 |
| K02548 | 145.14 | 130.906 | 53.3086 | 826.229027 |
| K02549 | 618.063 | 163.566 | 575.928 | 2503.05729 |
| K02551 | 922.171 | 109.792 | 27.6013 | 2006.6191 |
| K02554 | 366.004 | 84.5627 | 44.4035 | 1140.76898 |
| K02556 | 1068.45 | 107.069 | 135.456 | 2415.80272 |
| K02557 | 721.963 | 330.512 | 134.719 | 2321.2352 |
| K02558 | 741.851 | 271.333 | 177.092 | 2330.69247 |
| K02563 | 998.236 | 274.504 | 372.226 | 2981.95764 |
| K02564 | 979.984 | 374.384 | 208.747 | 2872.83852 |
| K02567 | 183.413 | 51.7564 | 29.1905 | 685.698247 |
| K02575 | 435.235 | 203.048 | 129.479 | 1654.66119 |
| K02584 | 468.479 | 4465.63 | 1374.83 | 6334.59915 |
| K02600 | 1489.47 | 726.896 | 818.069 | 4716.55423 |
| K02601 | 1577.15 | 382.263 | 345.196 | 3818.14505 |
| K02609 | 664.668 | 192.139 | 121.128 | 1985.78653 |
| K02610 | 451.998 | 63.8163 | 66.9955 | 1292.47527 |
| K02611 | 313.405 | 170.069 | 135.936 | 1393.57376 |
| K02612 | 334.133 | 121.683 | 26.6827 | 1117.34225 |
| K02613 | 548.394 | 336.401 | 142.867 | 2079.40483 |
| K02614 | 399.135 | 273.456 | 66.6223 | 1589.10046 |
| K02618 | 550.317 | 313.929 | 195.222 | 2136.34852 |
| K02619 | 230.763 | 26.8142 | 39.8684 | 745.191496 |
| K02621 | 897.495 | 655.29 | 453.707 | 3479.8653 |
| K02622 | 730.805 | 308.627 | 244.47 | 2480.64042 |
| K02624 | 467.948 | 179.281 | 70.007 | 1553.39199 |
| K02636 | 367.457 | 128.964 | 130.817 | 1404.77188 |
| K02650 | 97.1803 | 62.9184 | 103.909 | 680.400392 |
| K02651 | 1090.5 | 346.784 | 212.594 | 2983.23652 |
| K02652 | 2336.01 | 1327.07 | 7365.45 | 8587.96965 |
| K02653 | 1887.83 | 859.408 | 1749.18 | 6065.30435 |
| K02654 | 974.627 | 544.166 | 127.332 | 2962.7558 |
| K02655 | 328.898 | 58.6865 | 41.3695 | 1010.81257 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K02657 | 175.152 | 147.685 | 3512.94 | 3596.24783 |
| K02658 | 380.986 | 138.765 | 417.251 | 1875.89153 |
| K02660 | 289.088 | 93.9042 | 109.101 | 1152.73884 |
| K02662 | 740.848 | 321.893 | 290.002 | 2583.47395 |
| K02663 | 191.535 | 202.777 | 79.3023 | 1109.36058 |
| K02664 | 152.078 | 161.911 | 106.638 | 1007.02502 |
| K02666 | 637.801 | 176.643 | 274.289 | 2166.84135 |
| K02667 | 930.974 | 323.525 | 371.674 | 2967.56514 |
| K02668 | 560.533 | 155.051 | 196.358 | 1887.31165 |
| K02669 | 8379.68 | 1138.08 | 2044.19 | 10778.3505 |
| K02670 | 424.497 | 354.674 | 75.3101 | 1776.12131 |
| K02672 | 135.085 | 90.478 | 41.9572 | 698.013023 |
| K02674 | 419.19 | 188.284 | 127.624 | 1598.20516 |
| K02687 | 553.084 | 348.498 | 260.528 | 2295.00625 |
| K02688 | 43.569 | 62145 | 14.7984 | 19493.8309 |
| K02774 | 293.454 | 0 | 0 | 673.835421 |
| K02793 | 240.706 | 178.514 | 87.8764 | 1181.79342 |
| K02793 | 240.706 | 178.514 | 87.8764 | 1181.79342 |
| K02805 | 230.889 | 88.2812 | 137.351 | 1081.04062 |
| K02806 | 419.581 | 318.674 | 197.19 | 1931.78179 |
| K02822 | 0 | 344.186 | 0 | 667.714977 |
| K02823 | 145.647 | 177.704 | 28.5686 | 857.096983 |
| K02824 | 140.804 | 33.3334 | 284.261 | 1004.79271 |
| K02825 | 506.851 | 159.749 | 129.281 | 1695.67624 |
| K02834 | 1040.84 | 246.837 | 323.04 | 2925.7719 |
| K02835 | 2237.59 | 673.808 | 2804.37 | 6795.3061 |
| K02836 | 1667 | 757.064 | 439.149 | 4528.09882 |
| K02837 | 1511.53 | 292.469 | 2133.75 | 5154.1 |
| K02838 | 3003.98 | 1355.61 | 506.137 | 6517.42624 |
| K02841 | 197.373 | 155.637 | 60.9384 | 998.901862 |
| K02843 | 521.009 | 198.612 | 227.856 | 1952.41051 |
| K02849 | 523.321 | 57.6613 | 93.2645 | 1448.47973 |
| K02851 | 619.858 | 368.735 | 194.91 | 2327.24492 |
| K02860 | 920.969 | 411.244 | 169.986 | 2783.05576 |
| K02862 | 366.375 | 44.9144 | 22.3622 | 999.844715 |
| K02863 | 1338.37 | 1850.72 | 374.894 | 5094.10181 |
| K02864 | 1098.8 | 397.79 | 562.011 | 3537.27669 |
| K02867 | 700.18 | 1493.8 | 278.913 | 3819.26492 |
| K02871 | 2471.54 | 661.511 | 2091.96 | 6630.28729 |
| K02874 | 1857.61 | 3962.44 | 308.995 | 6832.74576 |
| K02876 | 1379.64 | 314.361 | 912.15 | 4127.59342 |
| K02878 | 875.933 | 234.206 | 269.915 | 2605.86211 |
| K02879 | 1189.7 | 2116.87 | 261.799 | 4950.23494 |
| K02881 | 1068.3 | 224.191 | 277.995 | 2859.17481 |
| K02884 | 870.966 | 531.964 | 477.261 | 3315.89897 |
| K02886 | 1757.35 | 429.41 | 307.475 | 4032.60339 |
| K02887 | 2207.39 | 403.65 | 264.012 | 4397.61934 |
| K02888 | 837.451 | 659.141 | 854.731 | 3843.65304 |
| K02890 | 864.229 | 154.819 | 723.597 | 3009.27337 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K02892 | 993.249 | 386.907 | 165.09 | 2837.18554 |
| K02895 | 1189.26 | 3898.79 | 170.265 | 5821.98759 |
| K02897 | 1008.25 | 285.451 | 948.247 | 3650.58645 |
| K02899 | 1050.4 | 603.819 | 904.075 | 4111.35065 |
| K02902 | 729.385 | 734.671 | 191.346 | 2964.85085 |
| K02904 | 1022.03 | 182.652 | 198.098 | 2603.61582 |
| K02906 | 1360.98 | 401.699 | 354.2 | 3607.27054 |
| K02907 | 563.03 | 400.713 | 150.687 | 2211.20831 |
| K02909 | 974.483 | 397.362 | 358.544 | 3118.35156 |
| K02911 | 335.391 | 262.925 | 102.934 | 1531.76196 |
| K02913 | 673.368 | 222.396 | 192.737 | 2174.31142 |
| K02914 | 447.589 | 154.823 | 93.9808 | 1522.85408 |
| K02916 | 914.164 | 315.872 | 241.91 | 2747.4452 |
| K02919 | 422.617 | 94.9014 | 56.5337 | 1287.35483 |
| K02926 | 1455.48 | 364.358 | 266.943 | 3540.31378 |
| K02931 | 2405.06 | 4108.85 | 611.323 | 7825.42617 |
| K02933 | 2394.03 | 301.2 | 278.541 | 4446.3618 |
| K02935 | 476.467 | 1929.21 | 135.853 | 3592.96609 |
| K02939 | 976.334 | 494.204 | 367.663 | 3268.18358 |
| K02945 | 1978.63 | 1099.25 | 1844.77 | 6475.38889 |
| K02945 | 1978.63 | 1099.25 | 1844.77 | 6475.38889 |
| K02946 | 619.304 | 210.328 | 1093.33 | 3104.2394 |
| K02948 | 1329.65 | 262.358 | 1087.58 | 4145.56883 |
| K02950 | 1041.32 | 720.148 | 1013.31 | 4343.32807 |
| K02952 | 1289.61 | 270.921 | 1372.77 | 4345.70445 |
| K02954 | 609.075 | 265.01 | 254.085 | 2242.98316 |
| K02956 | 1546.29 | 324.139 | 484.639 | 3876.99058 |
| K02959 | 1199.39 | 2377.39 | 830.028 | 5822.4379 |
| K02961 | 1861.55 | 344.775 | 223.534 | 3896.02788 |
| K02963 | 703.581 | 332.442 | 159.334 | 2339.99754 |
| K02965 | 1151 | 157.367 | 154.709 | 2652.30567 |
| K02967 | 798.895 | 381.452 | 537.27 | 3078.4511 |
| K02968 | 441.447 | 297.709 | 154.095 | 1864.36119 |
| K02970 | 437.307 | 113.57 | 199.53 | 1611.78305 |
| K02982 | 989.48 | 273.054 | 906.616 | 3566.48221 |
| K02986 | 1285.33 | 444.519 | 709.346 | 4000.95247 |
| K02988 | 790.739 | 514.919 | 140.427 | 2692.99198 |
| K02990 | 952.014 | 392.855 | 191.319 | 2834.09041 |
| K02992 | 1186.65 | 363.037 | 895.163 | 3949.23858 |
| K02994 | 2016.55 | 370.924 | 723.796 | 4726.3467 |
| K02996 | 1038.48 | 169.813 | 1871.44 | 4207.07925 |
| K03040 | 1911.27 | 629.208 | 652.438 | 4888.79345 |
| K03041 | 59.0944 | 50.1755 | 574.034 | 1227.56437 |
| K03043 | 3352.6 | 1951.63 | 1739.31 | 8391.43415 |
| K03044 | 5.16351 | 0 | 546.218 | 899.973281 |
| K03046 | 3733.93 | 1861.07 | 2357.74 | 8992.63229 |
| K03060 | 597.332 | 229.584 | 146.989 | 1993.33917 |
| K03070 | 3914.79 | 2804.36 | 2639.9 | 9912.20344 |
| K03071 | 184.807 | 107.908 | 125.987 | 1008.18446 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|----------|---------|------------|
| K03072 | 1694.06 | 704.248 | 545.994 | 4626.14818 |
| K03073 | 403.418 | 203.318 | 101.055 | 1548.18107 |
| K03074 | 1337.78 | 482.151 | 306.936 | 3626.03248 |
| K03075 | 881.41 | 123.976 | 162.61 | 2245.67213 |
| K03076 | 2507.24 | 716.579 | 2258.32 | 6825.59398 |
| K03079 | 4602.41 | 0.954198 | 0 | 5070.51526 |
| K03082 | 632.453 | 87.2809 | 22.0618 | 1528.92178 |
| K03086 | 5245.09 | 2696.32 | 2050.95 | 10418.5295 |
| K03087 | 85.2336 | 855.937 | 42.8483 | 1679.65645 |
| K03088 | 20299.5 | 10475.4 | 8704.86 | 17587.8009 |
| K03089 | 3470.01 | 391.428 | 293.234 | 5533.95085 |
| K03090 | 619.43 | 623.15 | 129.957 | 2559.80915 |
| K03091 | 1421.1 | 47.4547 | 20.8327 | 2485.56439 |
| K03092 | 1172.64 | 1494.28 | 603.58 | 4878.41496 |
| K03098 | 334.979 | 63.5359 | 56.5831 | 1066.59012 |
| K03100 | 3200.12 | 1029.85 | 1168.2 | 7029.72094 |
| K03101 | 724.894 | 284.757 | 229.341 | 2411.21634 |
| K03106 | 1758.67 | 2792.74 | 780.538 | 6684.43583 |
| K03110 | 1737.07 | 810.328 | 314.885 | 4499.97135 |
| K03111 | 1731.76 | 388.309 | 679.636 | 4403.64882 |
| K03112 | 303.858 | 1.76056 | 14.7997 | 747.58762 |
| K03113 | 164.524 | 78.5404 | 1308.87 | 2231.57266 |
| K03116 | 710.997 | 320.342 | 288.086 | 2534.4715 |
| K03117 | 355.456 | 49.1816 | 72.2534 | 1103.34128 |
| K03118 | 1531.69 | 488.858 | 368.065 | 3947.2387 |
| K03119 | 1428.19 | 631.533 | 376.751 | 4023.71148 |
| K03124 | 651.095 | 82.4247 | 63.506 | 1642.3312 |
| K03130 | 1247.72 | 770.964 | 908.626 | 4567.86235 |
| K03147 | 1036.57 | 567.615 | 366.882 | 3443.79026 |
| K03149 | 1463.93 | 654.535 | 333.291 | 4034.681 |
| K03151 | 339.766 | 109.694 | 55.8444 | 1171.01584 |
| K03153 | 265.54 | 128.78 | 146.854 | 1246.19579 |
| K03154 | 350.781 | 353.957 | 54.0571 | 1601.95213 |
| K03168 | 3653.19 | 1723.02 | 1414.48 | 8217.07874 |
| K03169 | 521.991 | 296.748 | 139.707 | 1970.40821 |
| K03177 | 1679.92 | 338.777 | 218.646 | 3682.88112 |
| K03179 | 458.03 | 425.151 | 299.872 | 2309.6498 |
| K03182 | 1728.89 | 670.61 | 367.526 | 4399.70978 |
| K03183 | 1540.85 | 755.387 | 541.402 | 4509.33681 |
| K03185 | 1477.39 | 226.001 | 122.474 | 3111.7068 |
| K03186 | 713.273 | 275.722 | 185.39 | 2309.52374 |
| K03188 | 979.811 | 153.182 | 39.1562 | 2195.6919 |
| K03189 | 1128.92 | 223.189 | 79.3316 | 2600.80853 |
| K03199 | 121.176 | 130.151 | 48.9342 | 762.276245 |
| K03201 | 125.791 | 28.7351 | 484.792 | 1227.17246 |
| K03204 | 158.479 | 81.6678 | 38.6013 | 722.306395 |
| K03205 | 133.743 | 230.103 | 18.6094 | 896.640979 |
| K03210 | 843.933 | 390.965 | 704.602 | 3343.55443 |
| K03215 | 1029.55 | 467.352 | 333 | 3254.90948 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K03216 | 633.982 | 215.804 | 83.9862 | 1909.53703 |
| K03217 | 1591.68 | 600.894 | 777.242 | 4638.14916 |
| K03218 | 1254.02 | 235.043 | 518.181 | 3429.22373 |
| K03231 | 31.8177 | 258.473 | 38.5797 | 743.835866 |
| K03269 | 156.948 | 205.621 | 402.332 | 1548.86323 |
| K03270 | 200.052 | 182.94 | 91.2256 | 1115.48559 |
| K03271 | 640.536 | 266.32 | 401.86 | 2500.28863 |
| K03272 | 1246.91 | 390.942 | 252.71 | 3307.84085 |
| K03273 | 718.391 | 227.825 | 151.179 | 2180.69964 |
| K03274 | 184.398 | 91.873 | 49.6859 | 823.249813 |
| K03281 | 170.772 | 129.003 | 84.994 | 942.985191 |
| K03282 | 4429.68 | 296.387 | 168.397 | 5900.97458 |
| K03284 | 3741.12 | 1753.84 | 1321.79 | 8236.81249 |
| K03286 | 686.518 | 425.948 | 86.8287 | 2318.98842 |
| K03294 | 8986.86 | 2106.98 | 3501.07 | 12519.9973 |
| K03296 | 5793.52 | 2716.96 | 3853.14 | 11563.0861 |
| K03297 | 202.685 | 51.2622 | 23.2445 | 709.10417 |
| K03298 | 103.648 | 64.4223 | 146.341 | 775.928635 |
| K03299 | 264.123 | 149.866 | 47.8301 | 1090.98057 |
| K03301 | 421.219 | 225.963 | 124.354 | 1660.80715 |
| K03303 | 797.764 | 352.02 | 175.351 | 2533.54845 |
| K03305 | 2283.83 | 716.665 | 766.653 | 5491.9861 |
| K03306 | 3280.14 | 825.429 | 522.48 | 6231.87079 |
| K03307 | 1246.09 | 607.252 | 644.818 | 4098.33367 |
| K03309 | 57.9632 | 69.9456 | 181.91 | 737.643742 |
| K03310 | 1085.55 | 45.6109 | 47.1508 | 2130.51484 |
| K03312 | 247.496 | 156.541 | 83.1968 | 1145.74942 |
| K03313 | 2048.21 | 405.934 | 245.755 | 4213.95854 |
| K03316 | 846.599 | 672.255 | 258.089 | 3162.52691 |
| K03317 | 492.034 | 206.216 | 271.943 | 1985.33238 |
| K03319 | 177.215 | 234.958 | 153.536 | 1272.22893 |
| K03320 | 2214.79 | 1558.81 | 536.794 | 6010.95571 |
| K03321 | 802.014 | 368.694 | 461.795 | 2972.51825 |
| K03322 | 443.85 | 351.104 | 144.68 | 1933.83636 |
| K03324 | 193.931 | 275.177 | 44.6227 | 1161.13068 |
| K03325 | 793.623 | 224.269 | 55.676 | 2101.04375 |
| K03327 | 943.245 | 598.634 | 212.164 | 3133.6229 |
| K03332 | 166.934 | 57.4519 | 71.9936 | 759.561992 |
| K03333 | 675.959 | 243.41 | 145.775 | 2134.26276 |
| K03335 | 448.989 | 249.849 | 154.688 | 1801.21502 |
| K03336 | 1108.42 | 252.69 | 155.642 | 2764.90892 |
| K03337 | 494.865 | 77.8053 | 81.9181 | 1424.53252 |
| K03338 | 460.452 | 68.4389 | 174.825 | 1515.84629 |
| K03342 | 185.77 | 90.7907 | 71.4882 | 870.317251 |
| K03366 | 309.911 | 19.787 | 0 | 767.210892 |
| K03381 | 104.025 | 126.35 | 37.4353 | 689.648613 |
| K03385 | 182.598 | 124.027 | 101.506 | 990.044257 |
| K03386 | 709.121 | 325.489 | 132.538 | 2290.73075 |
| K03388 | 369.482 | 2.84091 | 1.02459 | 827.317363 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K03392 | 727.611 | 869.771 | 310.267 | 3296.51666 |
| K03394 | 433.171 | 44.6868 | 15.0375 | 1095.37258 |
| K03402 | 634.461 | 97.5512 | 49.8326 | 1619.08394 |
| K03404 | 157.956 | 30.4078 | 83.4339 | 698.585873 |
| K03405 | 790.505 | 396.611 | 297.7 | 2777.54184 |
| K03406 | 2030.74 | 1334.31 | 796.162 | 5911.34562 |
| K03407 | 1195.9 | 636.086 | 423.868 | 3809.54028 |
| K03408 | 598.953 | 165.448 | 152.451 | 1893.18323 |
| K03410 | 167.353 | 48.6475 | 61.396 | 717.897189 |
| K03412 | 2880.21 | 1100 | 700.63 | 6387.49379 |
| K03413 | 1336.21 | 291.709 | 971.888 | 4096.32315 |
| K03417 | 638.059 | 218.263 | 107.798 | 1965.95218 |
| K03424 | 1208.06 | 520.288 | 446.209 | 3704.84263 |
| K03426 | 381.094 | 181.807 | 156.053 | 1570.97299 |
| K03427 | 700.754 | 444.393 | 289.561 | 2702.79835 |
| K03431 | 1270.75 | 583.82 | 331.382 | 3712.92057 |
| K03432 | 299.498 | 69.0671 | 47.4671 | 993.979461 |
| K03433 | 620.472 | 139.425 | 45.9358 | 1671.49233 |
| K03437 | 636.716 | 169.187 | 184.696 | 2012.46348 |
| K03438 | 815.352 | 319.664 | 414.553 | 2857.59446 |
| K03439 | 843.235 | 184.947 | 505.247 | 2788.61991 |
| K03442 | 395.258 | 103.549 | 174.247 | 1478.26258 |
| K03446 | 822.709 | 631.259 | 821.415 | 3755.53291 |
| K03449 | 219.326 | 86.4069 | 54.6816 | 893.505602 |
| K03453 | 247.125 | 248.645 | 57.3415 | 1251.78821 |
| K03455 | 1982.97 | 1017.52 | 1304.8 | 6009.32712 |
| K03457 | 639.127 | 364.475 | 360.921 | 2595.32927 |
| K03465 | 176.149 | 55.363 | 55.5245 | 739.347883 |
| K03466 | 2821.69 | 1027.46 | 1100.21 | 6646.8719 |
| K03469 | 1685.22 | 421.774 | 269.528 | 3887.80388 |
| K03470 | 951.663 | 373.553 | 325.802 | 3007.8307 |
| K03474 | 527.334 | 272.972 | 180.304 | 2010.65142 |
| K03478 | 372.115 | 162.109 | 69.329 | 1357.30051 |
| K03495 | 1459.97 | 529.994 | 893.831 | 4511.22658 |
| K03496 | 3224.05 | 1395.96 | 2477 | 8266.6916 |
| K03497 | 2480.08 | 907.068 | 1196.47 | 6292.0236 |
| K03498 | 413.049 | 239.819 | 168.484 | 1747.21771 |
| K03499 | 1054.76 | 554.671 | 395.587 | 3489.09455 |
| K03500 | 1054.02 | 383.862 | 551.336 | 3446.51495 |
| K03501 | 626.084 | 266.456 | 133.997 | 2075.5522 |
| K03502 | 306.732 | 65.3482 | 37.719 | 976.844138 |
| K03517 | 1522.95 | 524.241 | 1212.1 | 4860.21922 |
| K03518 | 2405.47 | 1886.61 | 2849.95 | 8133.52138 |
| K03519 | 1533.02 | 1009.56 | 243.256 | 4383.09676 |
| K03520 | 8191.72 | 2116.99 | 2430.41 | 11738.6222 |
| K03521 | 1140.63 | 409.171 | 219.305 | 3149.52293 |
| K03522 | 1516.9 | 417.016 | 343.167 | 3796.74639 |
| K03523 | 285.128 | 71.1246 | 78.6039 | 1037.64563 |
| K03524 | 703.981 | 249.999 | 316.755 | 2453.40419 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K03525 | 1208.45 | 511.621 | 272.225 | 3456.94329 |
| K03526 | 1562.14 | 599.448 | 1346.09 | 5110.15972 |
| K03527 | 1244.33 | 1181.27 | 854.351 | 4944.554 |
| K03529 | 3181.96 | 1054.76 | 1136.39 | 7013.18316 |
| K03530 | 1387.02 | 523.174 | 1076.08 | 4584.01769 |
| K03531 | 1212.74 | 630.488 | 636.19 | 4076.51129 |
| K03534 | 350.949 | 97.8376 | 51.1474 | 1156.7587 |
| K03535 | 296.083 | 89.0471 | 35.9658 | 1004.13564 |
| K03536 | 882.153 | 150.968 | 157.693 | 2289.7216 |
| K03543 | 567.846 | 410.11 | 118.736 | 2175.28255 |
| K03544 | 1909.87 | 1101.2 | 680.284 | 5441.96622 |
| K03545 | 858.622 | 1452.68 | 615.456 | 4439.5312 |
| K03546 | 484.828 | 303.841 | 126.056 | 1896.59652 |
| K03547 | 319.459 | 68.6049 | 25.2533 | 977.270209 |
| K03549 | 3536.13 | 1136.28 | 5459.7 | 9240.16183 |
| K03550 | 1121.61 | 230.029 | 436.085 | 3153.32042 |
| K03551 | 1180.26 | 663.758 | 375.893 | 3761.06151 |
| K03553 | 1646.45 | 709.431 | 1373.88 | 5361.55215 |
| K03555 | 1742.83 | 1231.01 | 636.267 | 5342.09334 |
| K03556 | 1549.69 | 1970.94 | 447.02 | 5526.63749 |
| K03557 | 198.999 | 48.6356 | 154.353 | 959.324485 |
| K03558 | 642.712 | 146.502 | 118.813 | 1865.46295 |
| K03559 | 1404.94 | 315.63 | 464.6 | 3675.07824 |
| K03560 | 856.716 | 232.314 | 613.983 | 3015.85806 |
| K03561 | 1461.37 | 291.754 | 523.948 | 3776.36004 |
| K03562 | 756.067 | 227.864 | 200.608 | 2318.32212 |
| K03563 | 222.454 | 294.529 | 69.5436 | 1303.04465 |
| K03564 | 2284.31 | 908.975 | 1835.42 | 6577.22575 |
| K03565 | 520.866 | 165.624 | 95.9395 | 1667.02285 |
| K03566 | 850.488 | 380.046 | 202.184 | 2693.4506 |
| K03568 | 1508.21 | 753.606 | 590.473 | 4526.75783 |
| K03569 | 2518.15 | 1398.9 | 775.043 | 6422.89538 |
| K03570 | 518.858 | 280.169 | 85.2075 | 1837.43563 |
| K03571 | 307.684 | 112.875 | 67.5586 | 1143.85981 |
| K03572 | 1522.5 | 690.779 | 509.542 | 4373.90407 |
| K03574 | 1020.14 | 385.012 | 381.016 | 3191.41188 |
| K03575 | 1323.86 | 437.373 | 312.211 | 3554.95426 |
| K03576 | 105.186 | 70.2101 | 91.6904 | 691.70439 |
| K03578 | 831.565 | 515.246 | 273.657 | 2965.13138 |
| K03579 | 777.781 | 362.965 | 479.236 | 2950.96896 |
| K03580 | 193.431 | 173.113 | 169.133 | 1224.9848 |
| K03581 | 569.996 | 217.026 | 76.5535 | 1797.51454 |
| K03582 | 329.354 | 71.906 | 36.8972 | 1030.72015 |
| K03583 | 4373.88 | 108.761 | 26.3178 | 5253.83508 |
| K03584 | 533.839 | 338.469 | 245.406 | 2226.38843 |
| K03585 | 1529.31 | 978.898 | 939.58 | 5160.64771 |
| K03587 | 1099.45 | 742.749 | 509.584 | 3922.16724 |
| K03588 | 2112.43 | 609.816 | 600.424 | 5012.91477 |
| K03589 | 823.341 | 233.298 | 147.904 | 2335.62619 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K03590 | 1347.99 | 622.865 | 714.255 | 4316.89961 |
| K03592 | 782.466 | 318.683 | 378.864 | 2762.25804 |
| K03593 | 1265.7 | 1120.92 | 826.698 | 4884.30979 |
| K03594 | 1465.53 | 364.051 | 579.44 | 3956.62102 |
| K03595 | 1684.14 | 461.816 | 313.846 | 4006.73689 |
| K03596 | 4069.98 | 1120.63 | 1942.02 | 8352.49532 |
| K03599 | 185.488 | 59.9756 | 41.6529 | 738.327976 |
| K03601 | 729.495 | 488.142 | 251.629 | 2749.14922 |
| K03602 | 540.962 | 143.955 | 127.017 | 1717.12228 |
| K03605 | 271.555 | 59.4472 | 6.95408 | 817.732125 |
| K03606 | 1480.8 | 372.296 | 395.133 | 3760.33421 |
| K03608 | 162.864 | 136.667 | 119.94 | 1007.56579 |
| K03609 | 286.71 | 165.253 | 142.924 | 1347.72355 |
| K03616 | 223.131 | 63.3139 | 2.5 | 718.160552 |
| K03621 | 1144.13 | 474.62 | 1215.17 | 4339.23187 |
| K03624 | 1452.66 | 445.557 | 194.408 | 3541.0908 |
| K03625 | 2062.64 | 846.398 | 300.472 | 4862.2603 |
| K03628 | 3621.91 | 947.703 | 3239.23 | 8494.30703 |
| K03629 | 4797.79 | 406.479 | 276.435 | 6480.50465 |
| K03630 | 969.215 | 456.628 | 210.286 | 2978.01607 |
| K03631 | 1616.34 | 823.213 | 544.109 | 4675.6084 |
| K03634 | 225.061 | 104.511 | 132.349 | 1094.04976 |
| K03635 | 507.536 | 402.049 | 74.343 | 1981.52876 |
| K03636 | 981.053 | 511.324 | 178.808 | 3017.03861 |
| K03637 | 1090.12 | 472.972 | 373.577 | 3396.97958 |
| K03638 | 209.251 | 219.869 | 139.328 | 1287.44983 |
| K03639 | 2550.77 | 1559.25 | 508.647 | 6297.819 |
| K03640 | 1653.41 | 372.02 | 775.217 | 4394.01614 |
| K03641 | 5926.8 | 4981.1 | 2527.12 | 12141.4676 |
| K03642 | 3263.75 | 269.244 | 209.916 | 5055.88759 |
| K03643 | 515.134 | 57.3703 | 37.2674 | 1316.34239 |
| K03644 | 1467.8 | 721.717 | 1041 | 4896.01606 |
| K03646 | 200.615 | 82.104 | 55.9414 | 849.568497 |
| K03648 | 475.483 | 431.664 | 123.639 | 2065.87284 |
| K03649 | 261.504 | 263.556 | 82.341 | 1355.58744 |
| K03650 | 888.017 | 762.598 | 450.641 | 3590.88504 |
| K03651 | 386.686 | 139.937 | 52.5471 | 1305.75347 |
| K03652 | 786.375 | 271.263 | 388.682 | 2706.30936 |
| K03654 | 12198.9 | 1235.83 | 1726.04 | 11890.7631 |
| K03655 | 1943.98 | 1350.96 | 585.995 | 5611.2619 |
| K03656 | 138.457 | 57.7424 | 156.851 | 857.305606 |
| K03657 | 5495.11 | 1867.35 | 1730.73 | 9795.49133 |
| K03664 | 1425.11 | 320.983 | 214.382 | 3358.82764 |
| K03665 | 1283.54 | 590.511 | 706.598 | 4190.01828 |
| K03666 | 453.371 | 199.489 | 152.233 | 1719.11538 |
| K03667 | 3863.87 | 412.165 | 2672.69 | 7772.35441 |
| K03669 | 158.59 | 114.118 | 28.4009 | 764.817578 |
| K03670 | 331.243 | 290.448 | 143.316 | 1641.9818 |
| K03671 | 1835.86 | 819.456 | 894.143 | 5282.2693 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K03672 | 197.412 | 98.4736 | 129.732 | 1021.62287 |
| K03673 | 230.16 | 256.488 | 195.216 | 1484.52875 |
| K03676 | 881.151 | 138.375 | 542.127 | 2800.00737 |
| K03684 | 848.247 | 346.966 | 484.751 | 3033.90004 |
| K03685 | 1136.09 | 551.406 | 284.683 | 3436.41716 |
| K03686 | 2664.76 | 1238.36 | 1650.28 | 7142.95769 |
| K03687 | 1026.1 | 569.01 | 388.176 | 3460.24641 |
| K03688 | 906.836 | 420.774 | 559.107 | 3311.67312 |
| K03690 | 150.686 | 24.8148 | 86.2424 | 674.038086 |
| K03694 | 1225.44 | 950.8 | 652.43 | 4477.78171 |
| K03695 | 3371.99 | 3115.98 | 4711.14 | 10404.318 |
| K03696 | 4531.84 | 2350.88 | 6772.31 | 11112.3418 |
| K03699 | 1224.92 | 1150.69 | 283.888 | 4219.27141 |
| K03701 | 6548.82 | 4706.05 | 4021.48 | 12975.1522 |
| K03702 | 2859.23 | 1875.83 | 1442.71 | 7709.46953 |
| K03703 | 3544.3 | 1003.58 | 726.988 | 6863.82068 |
| K03704 | 15328.6 | 2255.62 | 1867.36 | 13406.4419 |
| K03705 | 1759.14 | 395.836 | 264.231 | 3923.6394 |
| K03709 | 739.346 | 440.076 | 167.023 | 2562.51276 |
| K03710 | 878.217 | 258.882 | 166.727 | 2486.99024 |
| K03711 | 1046.49 | 1125.93 | 686.995 | 4467.05513 |
| K03718 | 223.648 | 29.9579 | 21.0397 | 693.429164 |
| K03719 | 2027.91 | 436.173 | 553.476 | 4642.94839 |
| K03722 | 1036.15 | 795.804 | 376.461 | 3732.41631 |
| K03723 | 3565.79 | 1898.51 | 851.858 | 7801.96633 |
| K03724 | 3477.93 | 1629.65 | 1091.18 | 7740.71194 |
| K03727 | 143.072 | 70.9923 | 58.3373 | 710.111518 |
| K03733 | 1288.41 | 457.747 | 1422.65 | 4660.09382 |
| K03734 | 984.033 | 255.885 | 128.145 | 2558.75442 |
| K03735 | 153.539 | 15.1129 | 504.76 | 1275.22714 |
| K03737 | 263.373 | 482.732 | 155.135 | 1817.17767 |
| K03738 | 918.823 | 162.746 | 75.2554 | 2208.92553 |
| K03741 | 2198.53 | 437.918 | 657.324 | 4934.24976 |
| K03742 | 720.784 | 339.468 | 901.485 | 3289.03001 |
| K03743 | 896.752 | 212.825 | 132.809 | 2376.70593 |
| K03744 | 1686.26 | 477.74 | 691.051 | 4491.84231 |
| K03750 | 1076.34 | 597.824 | 306.477 | 3450.586 |
| K03750 | 1076.34 | 597.824 | 306.477 | 3450.586 |
| K03752 | 452.666 | 174.16 | 183.137 | 1725.25116 |
| K03761 | 435.544 | 236.401 | 170.988 | 1784.02077 |
| K03762 | 636.283 | 656.012 | 799.551 | 3490.52538 |
| K03765 | 72.3444 | 70.5659 | 139.229 | 702.293735 |
| K03767 | 625.417 | 225.563 | 157.353 | 2047.83456 |
| K03768 | 1207.84 | 422.922 | 1094.25 | 4244.75404 |
| K03769 | 1403.19 | 202.21 | 183.927 | 3090.4022 |
| K03770 | 932.037 | 574.238 | 463.289 | 3437.4667 |
| K03771 | 963.517 | 89108 | 791.026 | 45021.395 |
| K03772 | 384.537 | 179.446 | 548.912 | 2118.93801 |
| K03773 | 726.76 | 90.9493 | 38.6388 | 1718.20638 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K03775 | 300.132 | 67.3083 | 85.4381 | 1070.85528 |
| K03778 | 126.429 | 78.708 | 52.3333 | 677.19824 |
| K03781 | 693.411 | 402.49 | 254.563 | 2580.8273 |
| K03782 | 1550.89 | 750.614 | 867.084 | 4863.25654 |
| K03783 | 700.159 | 192.85 | 256.184 | 2262.46925 |
| K03786 | 1232.71 | 220.729 | 183.137 | 2914.64487 |
| K03787 | 1305.6 | 677.809 | 734.229 | 4354.3242 |
| K03789 | 465.207 | 469.652 | 199.099 | 2230.53421 |
| K03790 | 1009.4 | 259.419 | 253.335 | 2803.59799 |
| K03793 | 183.255 | 37.2429 | 119.74 | 838.112364 |
| K03797 | 2061.88 | 1429.54 | 1032.5 | 6254.08727 |
| K03798 | 3360.04 | 2652.72 | 1989.29 | 9036.12518 |
| K03799 | 1375.85 | 578.373 | 503.55 | 4055.85451 |
| K03801 | 1121.2 | 301.695 | 515.986 | 3367.53485 |
| K03802 | 934.725 | 338.534 | 246.011 | 2816.35845 |
| K03808 | 198.505 | 66.6004 | 8.52508 | 695.34402 |
| K03809 | 237.716 | 130.277 | 63.0642 | 1035.91801 |
| K03810 | 257.047 | 115.886 | 136.616 | 1186.71504 |
| K03811 | 121.461 | 71.5521 | 71.9829 | 692.25467 |
| K03814 | 305.741 | 422.205 | 154.445 | 1811.49455 |
| K03820 | 1057.54 | 399.362 | 493.141 | 3404.05116 |
| K03821 | 1373.99 | 706.858 | 558.86 | 4278.02351 |
| K03823 | 2030.81 | 388.317 | 395.831 | 4382.42083 |
| K03824 | 352.94 | 100.027 | 87.892 | 1241.05337 |
| K03827 | 279.517 | 43.3623 | 7.15917 | 795.872819 |
| K03828 | 276.08 | 20.5122 | 3.59632 | 719.807805 |
| K03829 | 346.023 | 75.0943 | 59.9947 | 1119.21804 |
| K03831 | 99.394 | 148.592 | 344.257 | 1240.48402 |
| K03832 | 1618.42 | 555.866 | 1034.35 | 4856.56789 |
| K03833 | 1595.34 | 305.457 | 178.032 | 3471.791 |
| K03841 | 1128.11 | 185.147 | 571.793 | 3248.54961 |
| K03856 | 821.229 | 417.129 | 686.963 | 3330.26501 |
| K03867 | 104.069 | 156.898 | 61.3922 | 800.806898 |
| K03885 | 2419.17 | 976.947 | 936.96 | 6079.62945 |
| K03891 | 162.999 | 152.046 | 62.3762 | 923.985064 |
| K03892 | 1301.73 | 460.665 | 638.033 | 3965.99873 |
| K03921 | 118.008 | 97.9059 | 65.5587 | 726.919962 |
| K03924 | 4889.72 | 1638.56 | 3371.99 | 10083.3632 |
| K03925 | 562.696 | 261.303 | 295.084 | 2224.9749 |
| K03926 | 877.248 | 303.802 | 212.714 | 2632.4426 |
| K03929 | 990.092 | 455.721 | 278.16 | 3108.28182 |
| K03932 | 126.804 | 110.504 | 78.3766 | 798.499655 |
| K03969 | 762.15 | 285.574 | 236.718 | 2478.23832 |
| K03973 | 321.23 | 64.7319 | 41.425 | 1010.6194 |
| K03974 | 194.213 | 39.341 | 1548.53 | 2385.48558 |
| K03975 | 766.069 | 233.571 | 180.724 | 2309.9323 |
| K03976 | 408.955 | 37.126 | 24.4282 | 1060.3141 |
| K03977 | 1521.34 | 726.174 | 617.941 | 4540.7326 |
| K03978 | 724.887 | 3692.48 | 161.674 | 5083.6432 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|----------|---------|------------|
| K03979 | 1133.69 | 405.354 | 380.912 | 3368.01213 |
| K03980 | 1204.49 | 815.34 | 479.182 | 4101.89166 |
| K03981 | 736.588 | 42.3345 | 39.8024 | 1626.95276 |
| K04027 | 320.477 | 252.134 | 119.992 | 1518.93003 |
| K04028 | 418.735 | 68.5154 | 91.9451 | 1296.92691 |
| K04042 | 1750.04 | 728.299 | 636.341 | 4819.01591 |
| K04043 | 5891.24 | 1469.17 | 2883.96 | 10334.738 |
| K04045 | 241.329 | 150.818 | 106.488 | 1168.25962 |
| K04047 | 363.423 | 531.471 | 119.568 | 2002.82322 |
| K04063 | 1414.89 | 312.507 | 568.356 | 3806.51349 |
| K04065 | 431.946 | 235.453 | 181.961 | 1794.62817 |
| K04066 | 1250.11 | 562.462 | 931.818 | 4338.36731 |
| K04069 | 785.939 | 263.389 | 110.994 | 2265.44548 |
| K04070 | 94.0162 | 211.339 | 65.2636 | 882.366754 |
| K04072 | 86.512 | 32.6733 | 366.142 | 994.195698 |
| K04074 | 249.523 | 82.824 | 21.6936 | 867.755127 |
| K04075 | 711.574 | 302.343 | 244.375 | 2442.4112 |
| K04077 | 2789.72 | 1299.11 | 1996.74 | 7537.649 |
| K04078 | 1795.55 | 869.188 | 1167.68 | 5540.93825 |
| K04079 | 687.544 | 271.053 | 211.298 | 2305.69078 |
| K04080 | 508.317 | 131.966 | 89.4821 | 1571.18812 |
| K04083 | 734.87 | 245.823 | 164.549 | 2257.83684 |
| K04084 | 944.136 | 241.455 | 313.412 | 2774.39481 |
| K04085 | 255.418 | 49.1056 | 0 | 738.685888 |
| K04087 | 264.949 | 233.306 | 143.385 | 1426.19071 |
| K04088 | 382.782 | 193.892 | 146.775 | 1579.22552 |
| K04090 | 568.876 | 341.819 | 322.772 | 2400.07117 |
| K04091 | 366.019 | 175.989 | 140.464 | 1506.92063 |
| K04093 | 24.1389 | 68.3708 | 479.592 | 1061.17017 |
| K04094 | 697.921 | 276.277 | 364.083 | 2552.39656 |
| K04096 | 1620.67 | 506.651 | 1294.64 | 5014.77148 |
| K04101 | 215.169 | 58.5216 | 63.5129 | 843.201544 |
| K04102 | 261.827 | 227.201 | 167.09 | 1450.78948 |
| K04110 | 413.31 | 47.4571 | 62.5711 | 1180.05758 |
| K04122 | 439.21 | 0.762195 | 0 | 935.105758 |
| K04257 | 853.829 | 237.132 | 201.031 | 2473.74682 |
| K04343 | 140.147 | 140.794 | 104.598 | 938.00496 |
| K04437 | 159.525 | 262.209 | 37.0639 | 1051.14752 |
| K04451 | 633.651 | 0 | 0 | 1243.16721 |
| K04477 | 453.409 | 104.126 | 95.5183 | 1437.58088 |
| K04485 | 1332.99 | 1111.36 | 661.233 | 4784.23416 |
| K04486 | 145.326 | 94.4349 | 21.9376 | 680.230272 |
| K04487 | 2440.36 | 1059.43 | 1357.16 | 6544.37487 |
| K04488 | 961.569 | 239.888 | 277.839 | 2744.04003 |
| K04508 | 178.625 | 20.692 | 132.342 | 808.544205 |
| K04517 | 387.275 | 235.042 | 334.828 | 1947.54397 |
| K04518 | 543.669 | 667.672 | 68.2239 | 2377.36101 |
| K04561 | 380.058 | 154.912 | 133.772 | 1481.27002 |
| K04564 | 1435.66 | 634.24 | 350.879 | 4000.86821 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K04565 | 449.684 | 243.366 | 200.145 | 1867.34912 |
| K04566 | 388.613 | 249.268 | 208.362 | 1785.98151 |
| K04567 | 1660.13 | 684.335 | 636.486 | 4668.00271 |
| K04612 | 357.978 | 73.6952 | 115.807 | 1247.77849 |
| K04652 | 67.9032 | 280.063 | 6.09756 | 789.193867 |
| K04654 | 179.918 | 67.307 | 46.2983 | 753.767888 |
| K04655 | 140.927 | 106.719 | 35.8101 | 729.803778 |
| K04656 | 578.352 | 132.247 | 45.9867 | 1592.53721 |
| K04659 | 206.266 | 501.057 | 184.473 | 1779.38564 |
| K04665 | 24.0385 | 1015.98 | 0 | 1574.69861 |
| K04720 | 174.581 | 81.5827 | 9.50721 | 681.552956 |
| K04739 | 175.381 | 70.2731 | 13.0126 | 668.800049 |
| K04744 | 1302.52 | 460.385 | 594.374 | 3917.55237 |
| K04748 | 235.885 | 51.45 | 61.3864 | 863.360895 |
| K04749 | 753.193 | 375.425 | 639.026 | 3120.18592 |
| K04750 | 1151.71 | 666.665 | 365.736 | 3714.91045 |
| K04751 | 716.079 | 311.808 | 238.707 | 2455.11162 |
| K04752 | 1061.9 | 58.518 | 36.6024 | 2105.66615 |
| K04753 | 158.749 | 77.6551 | 123.259 | 885.80475 |
| K04754 | 380.791 | 58.3702 | 55.0413 | 1132.95192 |
| K04755 | 1144.19 | 160.202 | 292.66 | 2865.44623 |
| K04757 | 368.182 | 254.264 | 128.387 | 1623.21426 |
| K04759 | 573.352 | 346.106 | 235.528 | 2285.46075 |
| K04760 | 858.419 | 239.82 | 349.11 | 2703.54567 |
| K04761 | 756.273 | 288.964 | 420.419 | 2732.56612 |
| K04762 | 340.285 | 206.479 | 85.2149 | 1411.77194 |
| K04763 | 3374.66 | 1169.79 | 443.599 | 6571.34248 |
| K04764 | 624.605 | 157.112 | 415.104 | 2305.1571 |
| K04765 | 1096.54 | 229.784 | 150.663 | 2702.98931 |
| K04767 | 105.08 | 91.6266 | 63.7685 | 680.679796 |
| K04768 | 319.109 | 66.7071 | 238.929 | 1368.39676 |
| K04771 | 4436.44 | 5673.02 | 1557.26 | 10853.3029 |
| K04772 | 142.614 | 142.518 | 80.4246 | 899.564293 |
| K04773 | 993.415 | 501.034 | 404.281 | 3348.75231 |
| K01083 | 2182.62 | 2246.97 | 2595 | 8058.05015 |
| K04789 | 73.7462 | 182.209 | 17.4406 | 671.539148 |
| K04968 | 0 | 0 | 2507.14 | 2375.61315 |
| K05281 | 201.485 | 229.995 | 86.6082 | 1190.66178 |
| K05306 | 268.539 | 25.0343 | 5.72082 | 724.567691 |
| K05341 | 27.9636 | 45.354 | 655.405 | 1223.57146 |
| K05342 | 165.702 | 152.145 | 64.3538 | 934.05648 |
| K05343 | 2713.33 | 1073.82 | 1332.53 | 6790.41456 |
| K05349 | 2640.58 | 1697.37 | 1967.98 | 7732.12936 |
| K05350 | 1052.57 | 574.714 | 361.607 | 3466.75945 |
| K05364 | 548.541 | 201.162 | 28.5961 | 1630.3759 |
| K05365 | 279.207 | 649.278 | 546.71 | 2607.41364 |
| K05366 | 5426.56 | 2162.31 | 3819.48 | 10975.0757 |
| K05367 | 386.167 | 139.625 | 100.562 | 1402.0056 |
| K05396 | 158.456 | 71.7583 | 51.3616 | 729.722745 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K05499 | 131.64 | 198.607 | 70.685 | 957.354686 |
| K05515 | 1820.17 | 811.869 | 604.665 | 4955.7558 |
| K05516 | 726.797 | 1841.41 | 1095.27 | 5045.45392 |
| K05520 | 890.67 | 395.327 | 686.275 | 3395.28468 |
| K05522 | 366.323 | 192.676 | 84.3884 | 1432.46555 |
| K05524 | 586.245 | 209.676 | 179.425 | 1997.36523 |
| K05527 | 389.928 | 91.2585 | 297.848 | 1634.66575 |
| K05539 | 219.311 | 153.714 | 136.824 | 1185.79677 |
| K05540 | 2159.67 | 324.429 | 153.947 | 4057.11759 |
| K05559 | 519.604 | 65.7503 | 38.8468 | 1346.13209 |
| K05561 | 204.456 | 30.3232 | 29.7862 | 677.948561 |
| K05565 | 1010.26 | 65.6352 | 34.7133 | 2049.35839 |
| K05568 | 401.009 | 183.49 | 88.7451 | 1485.37811 |
| K05577 | 144.904 | 115.506 | 136.205 | 957.347153 |
| K05589 | 175.062 | 91.6513 | 50.6508 | 805.551852 |
| K05591 | 70.798 | 5.86564 | 309.83 | 802.958261 |
| K05592 | 4245.31 | 1290.74 | 1001.16 | 7932.89074 |
| K05595 | 612.851 | 163.674 | 394.514 | 2272.26182 |
| K05602 | 257.273 | 61.7417 | 0 | 771.308309 |
| K05603 | 79.6074 | 75.3413 | 179.338 | 799.131308 |
| K05605 | 190.451 | 58.4806 | 19.7485 | 691.801114 |
| K05606 | 868.781 | 289.919 | 203.291 | 2583.86679 |
| K05607 | 291.812 | 150.39 | 83.7816 | 1219.65704 |
| K05643 | 231.267 | 25.8036 | 22.8426 | 702.302952 |
| K05658 | 466.068 | 132.806 | 86.8014 | 1498.15908 |
| K05685 | 1500.88 | 450.937 | 1412.66 | 4894.92743 |
| K05705 | 553.233 | 0 | 0 | 1118.00289 |
| K05708 | 339.197 | 67.9897 | 249.192 | 1423.28949 |
| K05710 | 863.222 | 153.266 | 76.3926 | 2117.04725 |
| K05712 | 288.765 | 213.698 | 60.028 | 1278.06664 |
| K05770 | 480.633 | 90.6869 | 142.203 | 1541.08046 |
| K05772 | 130.14 | 120.215 | 23.764 | 703.517984 |
| K05783 | 52.6574 | 230.121 | 14.8766 | 694.085711 |
| K05786 | 603.797 | 233.458 | 134.299 | 1987.4751 |
| K05788 | 635.227 | 663.497 | 710.203 | 3405.61127 |
| K05794 | 1081.09 | 511.538 | 1075.31 | 4188.75502 |
| K05799 | 521.101 | 178.296 | 280.571 | 1996.1451 |
| K05800 | 192.908 | 104.412 | 99.4288 | 968.331456 |
| K05802 | 191.563 | 163.81 | 61.7056 | 1003.70738 |
| K05807 | 520.078 | 215.66 | 258.693 | 2027.4159 |
| K05808 | 679.536 | 262.485 | 103.994 | 2094.94096 |
| K05810 | 558.593 | 301.906 | 156.809 | 2066.72355 |
| K05813 | 299.373 | 137.925 | 141.9 | 1318.61244 |
| K05814 | 295.442 | 181.687 | 93.8815 | 1303.30388 |
| K05815 | 418.347 | 80.4416 | 129.234 | 1391.91457 |
| K05816 | 112.515 | 80.4211 | 196.342 | 915.226456 |
| K05825 | 876.535 | 371.262 | 253.89 | 2797.2684 |
| K05830 | 310.825 | 14.385 | 35.911 | 853.947045 |
| K05833 | 180.685 | 120.511 | 13.0661 | 783.873443 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K05837 | 1251.03 | 807.2 | 1170.41 | 4848.20077 |
| K05838 | 348.502 | 163.593 | 2516.77 | 3524.97735 |
| K05844 | 168.721 | 170.326 | 44.4851 | 930.485825 |
| K05845 | 648.719 | 201.683 | 133.439 | 2000.61122 |
| K05845 | 648.719 | 201.683 | 133.439 | 2000.61122 |
| K05846 | 864.502 | 392.924 | 119.548 | 2590.38348 |
| K05847 | 810.279 | 203.816 | 268.223 | 2459.46058 |
| K05853 | 264.587 | 453.125 | 4.66168 | 1461.53616 |
| K05855 | 341.04 | 0 | 0 | 760.84535 |
| K05874 | 152.474 | 53.2225 | 98.9328 | 772.495661 |
| K05878 | 178.953 | 297.159 | 26.1639 | 1121.43292 |
| K05881 | 530.07 | 1.60772 | 2.35849 | 1097.27854 |
| K05889 | 234.15 | 317.114 | 152.598 | 1517.19094 |
| K05896 | 1349.5 | 346.055 | 327.022 | 3474.20527 |
| K05898 | 227.311 | 117.678 | 89.7295 | 1045.10536 |
| K05916 | 184.809 | 75.2978 | 25.2168 | 731.513189 |
| K05921 | 188.116 | 104.431 | 32.631 | 817.416223 |
| K05936 | 435.391 | 51.5259 | 20.3451 | 1129.42451 |
| K05939 | 662.446 | 315.216 | 270.007 | 2427.5811 |
| K05946 | 400.749 | 244.313 | 77.3981 | 1566.54597 |
| K05970 | 368.889 | 217.067 | 650.702 | 2272.70715 |
| K05973 | 585.056 | 137.69 | 411.143 | 2202.40138 |
| K05979 | 906.154 | 221.515 | 106.502 | 2356.16882 |
| K05982 | 252.814 | 69.7043 | 52.0139 | 917.278983 |
| K05989 | 392.543 | 311.208 | 148.045 | 1791.31411 |
| K05995 | 152.45 | 152.891 | 53.2533 | 883.447548 |
| K06001 | 270.397 | 109.754 | 67.8729 | 1068.60243 |
| K06013 | 231.372 | 163.271 | 104.884 | 1168.75066 |
| K06015 | 2162.33 | 1071.48 | 1318.97 | 6257.52567 |
| K06016 | 1247.33 | 394.737 | 231.723 | 3281.77953 |
| K06020 | 1628.96 | 279.831 | 1131.75 | 4559.24264 |
| K06023 | 318.468 | 151.215 | 112.377 | 1325.34967 |
| K06024 | 973.57 | 292.832 | 513.185 | 3156.90765 |
| K06034 | 421.918 | 69.1353 | 36.5368 | 1186.31887 |
| K06041 | 968.607 | 350.362 | 303.828 | 2965.1623 |
| K06044 | 1029.62 | 567.18 | 314.9 | 3362.34112 |
| K06045 | 453.515 | 133.176 | 819.32 | 2443.21175 |
| K06048 | 954.613 | 392.988 | 353.629 | 3078.61126 |
| K06076 | 262.537 | 126.617 | 66.1572 | 1083.2838 |
| K06113 | 285.366 | 96.6553 | 177.288 | 1271.50588 |
| K06115 | 245.767 | 106.078 | 88.3089 | 1055.28113 |
| K06119 | 127.811 | 102.185 | 57.8956 | 741.355101 |
| K06131 | 1647.03 | 1041.29 | 1083.82 | 5489.22178 |
| K06132 | 233 | 77.7118 | 101.521 | 996.923291 |
| K06133 | 212.779 | 152.085 | 133.674 | 1164.12792 |
| K06134 | 484.884 | 261.681 | 75.2398 | 1732.31383 |
| K06137 | 690.37 | 131.97 | 159.576 | 1981.79326 |
| K06140 | 410.668 | 94.0118 | 113.452 | 1378.43603 |
| K06142 | 614.497 | 124.733 | 198.809 | 1917.96072 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K06143 | 274.169 | 117.17 | 92.1795 | 1139.36661 |
| K06147 | 9024.77 | 3835.79 | 4903.34 | 13937.7082 |
| K06148 | 5448 | 255.01 | 154.002 | 6458.40012 |
| K06153 | 1013.73 | 578.006 | 446.92 | 3531.35888 |
| K06158 | 2648.66 | 1037.85 | 726.886 | 6146.68763 |
| K06162 | 156.943 | 301.432 | 110.672 | 1260.0115 |
| K06167 | 561.366 | 239.219 | 612.174 | 2587.65254 |
| K06168 | 1181.26 | 1185.35 | 694.969 | 4706.72097 |
| K06173 | 1319 | 579.008 | 390.466 | 3845.59182 |
| K06176 | 389.935 | 73.927 | 33.4684 | 1134.48907 |
| K06177 | 392.175 | 112.297 | 63.5396 | 1285.23256 |
| K06178 | 1612.59 | 1140.75 | 696.541 | 5176.40387 |
| K06179 | 428.625 | 503.576 | 123.545 | 2085.97576 |
| K06180 | 3025.27 | 722.624 | 1246.13 | 6609.62204 |
| K06182 | 118.008 | 90.4706 | 221.938 | 989.653944 |
| K06187 | 1318.71 | 1213.17 | 956.293 | 5163.63475 |
| K06188 | 671.105 | 388.31 | 147.166 | 2353.54556 |
| K06189 | 968.567 | 263.434 | 203.4 | 2678.00727 |
| K06190 | 949.816 | 103.849 | 269.058 | 2467.74447 |
| K06192 | 165.96 | 98.182 | 32.3415 | 757.870742 |
| K06194 | 299.165 | 66.5176 | 52.6272 | 999.145051 |
| K06195 | 605.094 | 147.1 | 125.362 | 1820.82018 |
| K06196 | 503.979 | 184.37 | 102.354 | 1685.6963 |
| K06199 | 1201.81 | 424.163 | 453.666 | 3574.82666 |
| K06200 | 706.302 | 622.506 | 399.187 | 3096.65304 |
| K06201 | 180 | 63.1826 | 43.3584 | 738.101821 |
| K06204 | 1178.61 | 430.779 | 446.714 | 3546.32355 |
| K06207 | 3512.67 | 1022.33 | 1219.77 | 7316.26258 |
| K06213 | 1380.2 | 514.403 | 684.709 | 4184.10051 |
| K06215 | 775.831 | 248.637 | 230.386 | 2428.51505 |
| K06217 | 945.669 | 516.907 | 889.77 | 3845.77264 |
| K06221 | 594.656 | 375.474 | 33.4126 | 1991.60823 |
| K06222 | 2095.52 | 55.2803 | 26.4599 | 3251.24431 |
| K06223 | 161.44 | 1063.93 | 40.9896 | 2067.22059 |
| K06236 | 323.724 | 68.0196 | 8.64303 | 938.866787 |
| K06237 | 201.964 | 63.925 | 51.5497 | 803.083672 |
| K06271 | 457.085 | 57.0378 | 6.2898 | 1139.0938 |
| K06281 | 192.036 | 137.63 | 56.7522 | 945.253095 |
| K06287 | 1242.07 | 314.368 | 292.658 | 3246.32151 |
| K06324 | 256.012 | 251.848 | 143.87 | 1440.67689 |
| K06346 | 475.28 | 177.245 | 225.891 | 1836.91758 |
| K06350 | 243.69 | 51.1467 | 86.821 | 929.877576 |
| K06378 | 253.275 | 26.9383 | 4.71698 | 697.162607 |
| K06381 | 208.628 | 177.214 | 121.545 | 1179.78251 |
| K06400 | 235.796 | 320.947 | 54.0655 | 1337.53323 |
| K06415 | 319.238 | 86.229 | 77.9531 | 1131.84953 |
| K06442 | 882.627 | 327.43 | 290.358 | 2793.87946 |
| K06445 | 574.633 | 95.774 | 180.688 | 1768.38421 |
| K06446 | 120.997 | 251.293 | 927.196 | 2125.33502 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K06447 | 198.601 | 46.3836 | 86.0498 | 827.612779 |
| K06609 | 311.173 | 7.49312 | 0 | 733.590193 |
| K06726 | 316.688 | 9.76799 | 0 | 750.766827 |
| K06752 | 1180.36 | 3.90625 | 4.58716 | 2028.95102 |
| K06762 | 7721.94 | 0 | 3.51494 | 6778.05111 |
| K06861 | 1587.66 | 739.397 | 255.188 | 4165.42283 |
| K06864 | 422.999 | 155.519 | 375.077 | 1924.34774 |
| K06867 | 513.441 | 332.312 | 78.2526 | 1895.95077 |
| K06871 | 184.256 | 109.249 | 70.4178 | 902.69895 |
| K06872 | 439.387 | 137.934 | 219.546 | 1694.50037 |
| K06877 | 553.752 | 478.408 | 262.971 | 2485.20984 |
| K06878 | 441.533 | 163.741 | 105.51 | 1551.14738 |
| K06881 | 294.856 | 239.281 | 207.496 | 1599.58061 |
| K06883 | 594.203 | 371.425 | 387.268 | 2571.72385 |
| K06884 | 123.607 | 34.8549 | 104.628 | 676.001908 |
| K06885 | 304.802 | 283.963 | 76.3969 | 1457.68831 |
| K06886 | 742.054 | 320.737 | 147.506 | 2358.25776 |
| K06888 | 1469.48 | 812.949 | 689.99 | 4660.24504 |
| K06889 | 1885.73 | 913.63 | 702.577 | 5245.44887 |
| K06889 | 1885.73 | 913.63 | 702.577 | 5245.44887 |
| K06890 | 246.078 | 213.757 | 125.999 | 1325.80992 |
| K06891 | 828.31 | 363.292 | 172.813 | 2589.44659 |
| K06893 | 780.416 | 371.746 | 260.965 | 2672.94084 |
| K06894 | 1167.69 | 845.473 | 526.926 | 4147.35662 |
| K06897 | 174.246 | 107.984 | 28.7701 | 786.484286 |
| K06898 | 384.348 | 392.426 | 153.338 | 1907.82773 |
| K06901 | 780.919 | 530.962 | 353.808 | 3027.44301 |
| K06902 | 805.722 | 371.971 | 412.501 | 2919.92623 |
| K06903 | 376.245 | 87.054 | 48.0354 | 1172.21027 |
| K06907 | 634.491 | 618.155 | 399.646 | 2983.86006 |
| K06910 | 605.736 | 384.589 | 162.269 | 2274.49505 |
| K06911 | 2384.18 | 1467.07 | 1338.43 | 6860.86796 |
| K06912 | 362.943 | 111.212 | 66.0987 | 1237.21313 |
| K06915 | 1820.46 | 784.95 | 504.299 | 4808.02988 |
| K06916 | 888.283 | 414.237 | 129.462 | 2671.99805 |
| K06917 | 202.881 | 64.7462 | 23.4426 | 740.74816 |
| K06919 | 292.844 | 244.078 | 98.1408 | 1413.74737 |
| K06920 | 963.112 | 442.515 | 541.364 | 3397.9426 |
| K06923 | 177.19 | 132.897 | 47.246 | 884.689283 |
| K06925 | 595.384 | 257.856 | 187.588 | 2105.73923 |
| K06929 | 896.969 | 233.641 | 299.579 | 2677.23953 |
| K06937 | 363.123 | 241.927 | 174.538 | 1673.96486 |
| K06940 | 373.3 | 89.6882 | 46.086 | 1168.19525 |
| K06941 | 1193.76 | 608.997 | 861.203 | 4259.89324 |
| K06942 | 3067.73 | 870.074 | 1895.57 | 7281.1385 |
| K06945 | 199.509 | 117.456 | 12.7768 | 815.655676 |
| K06949 | 517.238 | 478.288 | 230.294 | 2376.90323 |
| K06950 | 313.663 | 38.0787 | 3.48432 | 834.703547 |
| K06951 | 573.774 | 132.182 | 103.114 | 1702.40344 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K06953 | 1565.12 | 35.4761 | 36.2716 | 2660.93555 |
| K06958 | 685.164 | 384.355 | 434.801 | 2791.01592 |
| K06959 | 1014.55 | 398.439 | 217.085 | 2967.05623 |
| K06960 | 242.084 | 157.224 | 50.1105 | 1067.25353 |
| K06966 | 1513.93 | 797.652 | 439.439 | 4402.54083 |
| K06969 | 983.078 | 509.055 | 265.48 | 3152.66971 |
| K06973 | 192.207 | 104.521 | 87.3714 | 943.698513 |
| K06975 | 749.795 | 151.04 | 131.224 | 2055.72886 |
| K06978 | 1671.53 | 1166.77 | 804.859 | 5379.94033 |
| K06980 | 963.459 | 503.527 | 156.719 | 2945.72029 |
| K06985 | 262.728 | 119.828 | 90.3901 | 1119.36144 |
| K06987 | 157.864 | 134.993 | 97.0323 | 950.729998 |
| K06988 | 576.952 | 265.517 | 241.813 | 2175.17569 |
| K06990 | 280.35 | 71.897 | 47.0797 | 963.568227 |
| K06991 | 211.082 | 94.1766 | 112.504 | 1008.86137 |
| K06994 | 2292.21 | 1529.91 | 620.62 | 6158.3222 |
| K06996 | 1241.62 | 716.406 | 2542.34 | 5628.53216 |
| K06997 | 1629.5 | 386.812 | 566.397 | 4161.91016 |
| K06998 | 942.642 | 254.469 | 216.548 | 2649.3323 |
| K06999 | 1320.96 | 431.061 | 220.762 | 3406.42556 |
| K07001 | 2254.6 | 1140.31 | 589.813 | 5729.0526 |
| K07002 | 203.166 | 80.6177 | 37.1633 | 809.360648 |
| K07003 | 555.542 | 421.883 | 208.315 | 2325.27826 |
| K07004 | 750.956 | 540.256 | 541.208 | 3233.3771 |
| K07005 | 452.174 | 136.897 | 118.846 | 1543.76672 |
| K07006 | 535.385 | 419.022 | 124.5 | 2146.97013 |
| K07007 | 816.896 | 818.293 | 463.612 | 3571.39132 |
| K07010 | 736.751 | 346.917 | 229.811 | 2525.28161 |
| K07011 | 1099.7 | 279.234 | 219.397 | 2901.28786 |
| K07012 | 220.892 | 86.1187 | 370.28 | 1411.77954 |
| K07017 | 389.052 | 160.4 | 325.738 | 1807.41785 |
| K07018 | 456.295 | 294.372 | 88.3895 | 1763.50648 |
| K07019 | 385.36 | 440.569 | 147.211 | 1967.47185 |
| K07020 | 545.762 | 179.557 | 194.085 | 1904.77417 |
| K07025 | 1832.41 | 284.791 | 425.855 | 4057.27493 |
| K07027 | 914.877 | 474.901 | 252.012 | 2994.11539 |
| K07028 | 476.025 | 174.582 | 20.4196 | 1445.21032 |
| K07029 | 251.077 | 331.942 | 19.6204 | 1302.63916 |
| K07030 | 177.554 | 338.477 | 52.3829 | 1243.18318 |
| K07031 | 213.581 | 170.89 | 86.0866 | 1111.00812 |
| K07032 | 1020.49 | 312.579 | 281.114 | 2943.89411 |
| K07037 | 216.347 | 111.361 | 99.6901 | 1030.11358 |
| K07038 | 273.502 | 224.052 | 180.59 | 1490.2525 |
| K07040 | 580.456 | 143.1 | 131.417 | 1785.86797 |
| K07042 | 751.021 | 278.619 | 211.312 | 2411.32763 |
| K07043 | 405.493 | 238.111 | 141.588 | 1685.06885 |
| K07044 | 297.601 | 75.4215 | 330.273 | 1481.27356 |
| K07045 | 1887.08 | 1096.37 | 755.494 | 5492.6391 |
| K07046 | 357.856 | 165.211 | 142.391 | 1476.34603 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K07048 | 444.409 | 225.479 | 42.0199 | 1533.63426 |
| K07050 | 375.142 | 94.2759 | 58.6876 | 1208.61854 |
| K07052 | 741.797 | 412.285 | 267.344 | 2685.28237 |
| K07053 | 377.349 | 252.462 | 270.213 | 1866.48287 |
| K07054 | 2631.73 | 769.139 | 831.056 | 5945.29656 |
| K07056 | 1288.47 | 346.549 | 272.835 | 3323.33386 |
| K07058 | 3375.85 | 1557.88 | 1083.82 | 7592.86003 |
| K07062 | 143.448 | 125.409 | 15.7145 | 721.764517 |
| K07064 | 252.665 | 161.892 | 35.1639 | 1062.17586 |
| K07067 | 161.962 | 125.691 | 29.476 | 797.344023 |
| K07068 | 758.233 | 206.842 | 207.569 | 2296.7666 |
| K07071 | 822.414 | 594.662 | 812.26 | 3700.02464 |
| K07074 | 420.014 | 33.5893 | 46.0371 | 1121.69245 |
| K07075 | 136.927 | 72.5851 | 57.9351 | 699.313312 |
| K07080 | 400.517 | 328.764 | 207.853 | 1931.6412 |
| K07082 | 1118.34 | 418.839 | 276.674 | 3221.9906 |
| K07085 | 5328.56 | 194.879 | 53.7423 | 6093.33956 |
| K07088 | 564.588 | 99.0694 | 84.884 | 1586.98333 |
| K07089 | 376.307 | 101.654 | 14.8511 | 1121.64387 |
| K07090 | 3309.29 | 1156.27 | 729.095 | 6833.41254 |
| K07091 | 602.335 | 341.873 | 224.538 | 2307.26491 |
| K07093 | 1805.71 | 630.984 | 612.762 | 4734.97446 |
| K07095 | 728.176 | 142.826 | 156.68 | 2053.41161 |
| K07098 | 741.274 | 467.717 | 414.991 | 2966.26605 |
| K07100 | 487.772 | 476.555 | 237.783 | 2338.11471 |
| K07102 | 429.63 | 282.222 | 176.581 | 1858.0127 |
| K07104 | 732.606 | 327.735 | 130.652 | 2325.343 |
| K07106 | 580.122 | 138.43 | 258.442 | 1983.61267 |
| K07107 | 2172.83 | 811.708 | 707.418 | 5431.34065 |
| K07110 | 265.708 | 57.2446 | 157.555 | 1115.867 |
| K07112 | 478.358 | 154.332 | 61.2613 | 1506.86345 |
| K07114 | 3396.61 | 1913.78 | 2051.29 | 8596.25131 |
| K07116 | 544.523 | 176.474 | 110.719 | 1752.63789 |
| K07117 | 921.301 | 200.761 | 213.723 | 2525.27687 |
| K07119 | 1102.99 | 443.033 | 181.186 | 3087.78033 |
| K07124 | 1444.53 | 354.394 | 692.068 | 4042.74489 |
| K07126 | 1795.14 | 1354.13 | 670.931 | 5551.36054 |
| K07127 | 639.939 | 418.193 | 121.926 | 2304.30292 |
| K07130 | 357.732 | 157.278 | 73.9567 | 1332.51699 |
| K07131 | 338.43 | 39.8887 | 35.503 | 970.151132 |
| K07133 | 118.532 | 62.3204 | 116.612 | 751.8671 |
| K07137 | 396.2 | 48.7628 | 76.2432 | 1181.9955 |
| K07140 | 375.154 | 227.01 | 136.497 | 1604.72243 |
| K07141 | 444.705 | 164.453 | 66.948 | 1481.41689 |
| K07146 | 233.879 | 80.556 | 66.4071 | 934.815006 |
| K07147 | 1769.28 | 799.388 | 250.58 | 4428.49077 |
| K07148 | 857.808 | 257.689 | 488.314 | 2912.04411 |
| K07152 | 1847.88 | 620.515 | 872.069 | 5037.67535 |
| K07154 | 323.138 | 96.9577 | 78.9846 | 1163.36438 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K07157 | 562.937 | 149.339 | 142.097 | 1789.01021 |
| K07160 | 878.533 | 373.677 | 614.995 | 3268.58632 |
| K07161 | 461.746 | 226.705 | 88.1004 | 1661.87737 |
| K07164 | 180.501 | 164.837 | 51.5407 | 960.84007 |
| K07165 | 502.883 | 156.791 | 135.754 | 1695.35917 |
| K07171 | 405.4 | 127.391 | 116.711 | 1442.17325 |
| K07175 | 438.214 | 240.692 | 494.775 | 2251.77024 |
| K07177 | 127.552 | 150.708 | 0 | 685.46612 |
| K07178 | 198.229 | 74.7314 | 40.6588 | 794.802826 |
| K07180 | 355.89 | 237.799 | 286.907 | 1828.86048 |
| K07182 | 212.009 | 125.041 | 41.7133 | 928.044272 |
| K07192 | 362.329 | 86.4697 | 95.4028 | 1244.27054 |
| K07213 | 316.087 | 110.054 | 16.412 | 1035.00209 |
| K07214 | 532.141 | 471.76 | 415.378 | 2652.85863 |
| K07217 | 468.772 | 98.4509 | 113.043 | 1484.81559 |
| K07220 | 1209.62 | 370.213 | 248.428 | 3224.80558 |
| K07221 | 341.242 | 487.959 | 284.264 | 2171.98119 |
| K07222 | 2878.21 | 809.718 | 326.823 | 5623.89368 |
| K07232 | 103.388 | 82.8956 | 113.013 | 755.516385 |
| K07233 | 65.9196 | 86.6933 | 269.339 | 930.378912 |
| K07234 | 263.26 | 68.8815 | 13.8287 | 843.007097 |
| K07238 | 313.725 | 408.381 | 191.171 | 1868.02666 |
| K07240 | 1869.4 | 809.01 | 438.037 | 4805.3925 |
| K07243 | 264.74 | 271.388 | 191.156 | 1569.03722 |
| K07246 | 1273.51 | 673.341 | 235.711 | 3687.85001 |
| K07250 | 498.408 | 132.442 | 127.867 | 1628.08369 |
| K07258 | 1562.79 | 446.946 | 265.645 | 3780.39964 |
| K07259 | 661.476 | 432.673 | 433.223 | 2822.61064 |
| K07260 | 59.1714 | 16.681 | 229.008 | 686.317767 |
| K07262 | 251.404 | 111.587 | 92.024 | 1084.50484 |
| K07263 | 3395.72 | 1922.44 | 2591.03 | 8897.73477 |
| K07273 | 132.471 | 121.311 | 24.9838 | 713.901687 |
| K07277 | 2042.67 | 1143.15 | 1203.01 | 6114.45656 |
| K07278 | 663.674 | 267.666 | 173.239 | 2202.42361 |
| K07282 | 356.997 | 305.609 | 175.643 | 1767.22581 |
| K07284 | 230.75 | 114.796 | 168.895 | 1189.29324 |
| K07289 | 162.998 | 114.144 | 64.9981 | 856.746841 |
| K07290 | 233.228 | 45.2117 | 44.0895 | 805.5225 |
| K07300 | 697.13 | 556.42 | 189.247 | 2693.85501 |
| K07301 | 270.786 | 129.993 | 72.9983 | 1119.67795 |
| K07302 | 2520.71 | 1327.47 | 287.916 | 5774.30093 |
| K07303 | 3668.26 | 2945.25 | 1339.02 | 9000.65433 |
| K07304 | 3410.54 | 942.262 | 1884.39 | 7633.22437 |
| K07305 | 2854.99 | 811.449 | 1427.95 | 6708.85685 |
| K07313 | 552.743 | 139.196 | 171.768 | 1804.72589 |
| K07315 | 2036.58 | 1075.74 | 1409.27 | 6205.37327 |
| K07316 | 197.719 | 115.809 | 98.1081 | 998.410667 |
| K07320 | 266.962 | 98.5511 | 78.5572 | 1061.27269 |
| K07322 | 240.785 | 103.359 | 16.8892 | 880.77504 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K07323 | 420.39 | 191.67 | 111.273 | 1576.21146 |
| K07335 | 1368.18 | 546.937 | 210.798 | 3604.32327 |
| K07336 | 534.48 | 231.284 | 619.38 | 2539.71573 |
| K07340 | 481.477 | 208.044 | 63.4419 | 1612.54925 |
| K07341 | 185.297 | 616.468 | 97.9669 | 1733.1548 |
| K07347 | 166.32 | 76.7831 | 24.5461 | 694.481883 |
| K07369 | 384.27 | 27.1378 | 0 | 919.958227 |
| K07379 | 234.244 | 17.4419 | 320.588 | 1207.3586 |
| K07386 | 4936.19 | 985.653 | 861.176 | 7960.98165 |
| K07390 | 649.745 | 382.104 | 378.697 | 2661.29437 |
| K07391 | 2547.57 | 1474.11 | 1267.87 | 6963.94805 |
| K07393 | 355.944 | 261.706 | 107.888 | 1575.95149 |
| K07395 | 298.066 | 102.683 | 71.2339 | 1113.20862 |
| K07397 | 475.061 | 127.859 | 160.385 | 1637.96283 |
| K07399 | 193.642 | 54.3159 | 13.1384 | 670.94423 |
| K07402 | 1081.01 | 337.451 | 190.585 | 2921.48757 |
| K07403 | 618.379 | 312.438 | 529.508 | 2698.32231 |
| K07404 | 706.861 | 200.337 | 640.933 | 2775.94617 |
| K07406 | 305.108 | 209.053 | 130.108 | 1436.71693 |
| K07407 | 524.383 | 216.915 | 115.269 | 1799.59204 |
| K07418 | 28.5386 | 332.164 | 3.18471 | 756.177307 |
| K07427 | 237.98 | 70.8987 | 112.345 | 1012.2632 |
| K07442 | 235.795 | 81.9941 | 0 | 773.989737 |
| K07443 | 154.756 | 106.37 | 123.415 | 937.305525 |
| K07447 | 1011.36 | 148.791 | 1003.15 | 3471.27029 |
| K07448 | 211.778 | 38.4666 | 61.6452 | 785.138679 |
| K07452 | 265.285 | 53.0037 | 30.8369 | 854.791956 |
| K07456 | 818.933 | 370.937 | 279.012 | 2753.42809 |
| K07460 | 450.91 | 229.806 | 183.988 | 1820.45692 |
| K07461 | 924.956 | 281.524 | 337.008 | 2846.50466 |
| K07462 | 1515.14 | 676.545 | 451.372 | 4276.65615 |
| K07466 | 2638.9 | 14.6869 | 32.9277 | 3684.06665 |
| K07478 | 1895.3 | 695.896 | 2763.41 | 6455.46849 |
| K07481 | 292.068 | 190.383 | 55.6131 | 1234.23273 |
| K07482 | 524.251 | 155.466 | 105.781 | 1672.6036 |
| K07483 | 997.612 | 268.152 | 156.782 | 2647.17106 |
| K07484 | 352.545 | 218.725 | 133.001 | 1544.46415 |
| K07486 | 1003.01 | 1139.28 | 425.779 | 4116.99464 |
| K07491 | 395.105 | 279.947 | 207.528 | 1845.6278 |
| K07492 | 1697.01 | 1322.42 | 593.863 | 5329.9266 |
| K07493 | 632.398 | 1031.06 | 357.399 | 3391.21896 |
| K07494 | 228.318 | 345.595 | 146.019 | 1537.64908 |
| K07496 | 293.142 | 185.341 | 47.4485 | 1209.34748 |
| K07497 | 3152.47 | 1021 | 1562.74 | 7288.37173 |
| K07498 | 598.848 | 125.961 | 128.433 | 1776.36834 |
| K07503 | 117.875 | 154.491 | 19.9615 | 731.628556 |
| K07506 | 438.69 | 113.418 | 535.163 | 2071.45318 |
| K07507 | 884.217 | 885.791 | 186.81 | 3349.26021 |
| K07508 | 196.554 | 104.893 | 889.744 | 1986.53876 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K07511 | 297.39 | 118.678 | 39.4651 | 1074.81422 |
| K07516 | 2291.38 | 986.241 | 1153.98 | 6161.02991 |
| K07535 | 500.974 | 82.2108 | 9.67742 | 1277.12044 |
| K07552 | 871.018 | 1200.8 | 560.834 | 4162.53734 |
| K07560 | 1437.3 | 392.795 | 118.004 | 3316.52957 |
| K07566 | 541.63 | 262.985 | 231.847 | 2099.86884 |
| K07568 | 1749.06 | 599.835 | 297.268 | 4236.16355 |
| K07574 | 179.857 | 38.0933 | 39.2779 | 669.661997 |
| K07576 | 896.23 | 433.637 | 161.167 | 2765.92682 |
| K07577 | 296.624 | 262.35 | 177.099 | 1591.26163 |
| K07588 | 437.181 | 285.69 | 191.617 | 1901.07651 |
| K07601 | 0 | 13.9349 | 342.879 | 667.592093 |
| K07636 | 4432.84 | 1823.91 | 1589.35 | 8989.89269 |
| K07637 | 251.233 | 59.4139 | 46.3991 | 878.784035 |
| K07638 | 272.474 | 121.41 | 71.3702 | 1102.85473 |
| K07639 | 321.29 | 8.69342 | 9.23406 | 787.085053 |
| K07640 | 128.387 | 83.1844 | 51.6263 | 689.554541 |
| K07642 | 225.16 | 175.876 | 73.3426 | 1117.39067 |
| K07644 | 151.414 | 90.9336 | 34.2714 | 716.531898 |
| K07645 | 324.561 | 57.0079 | 1506.78 | 2647.09715 |
| K07646 | 1557.89 | 396.135 | 277.369 | 3720.12282 |
| K07648 | 304.504 | 96.2526 | 179.252 | 1309.53312 |
| K07649 | 117.713 | 135.466 | 33.8366 | 729.983057 |
| K07651 | 491.272 | 234.04 | 90.1441 | 1726.9725 |
| K07652 | 1740.46 | 702.233 | 624.44 | 4764.38553 |
| K07654 | 167.123 | 55.5423 | 69.4219 | 750.280894 |
| K07657 | 1685.81 | 436.696 | 370.645 | 4051.96302 |
| K07658 | 2617.25 | 757.183 | 1085.65 | 6155.57407 |
| K07659 | 2161 | 281.49 | 218.827 | 4098.07031 |
| K07661 | 293.515 | 12.1894 | 131.211 | 1007.71692 |
| K07662 | 93.2308 | 154.405 | 51.0337 | 748.472899 |
| K07665 | 545.003 | 400.714 | 20.4911 | 1918.02705 |
| K07667 | 1977.65 | 609.579 | 635.277 | 4914.38801 |
| K07668 | 1181.74 | 4040.26 | 309.813 | 6090.0086 |
| K07669 | 727.326 | 351.565 | 119.547 | 2333.46261 |
| K07670 | 278.793 | 51.914 | 174.659 | 1157.31055 |
| K07671 | 478.019 | 50.2869 | 172.304 | 1499.5394 |
| K07675 | 611.329 | 109.523 | 158.919 | 1816.79952 |
| K07677 | 486.403 | 759.206 | 763.712 | 3340.06645 |
| K07678 | 2229.43 | 813.212 | 3180.17 | 7114.77849 |
| K07684 | 2353.77 | 778.847 | 627.203 | 5482.89872 |
| K07685 | 1345.23 | 25.903 | 51.0071 | 2413.36822 |
| K07686 | 178.988 | 110.163 | 0 | 717.646033 |
| K07689 | 1129.97 | 385.314 | 97.1604 | 2890.87121 |
| K07690 | 262.708 | 24.4127 | 3.27511 | 703.826609 |
| K07692 | 1067.84 | 532.942 | 153.894 | 3118.00846 |
| K07693 | 819.817 | 90.5306 | 23.3943 | 1814.49254 |
| K07695 | 322.723 | 216.798 | 108.969 | 1443.47696 |
| K07705 | 232.828 | 32.4799 | 59.9743 | 808.392307 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|----------|------------|
| K07708 | 218.361 | 207.222 | 202.645 | 1390.4973 |
| K07709 | 1415.82 | 746.115 | 2328.14 | 5761.01393 |
| K07710 | 546.758 | 372.279 | 425.316 | 2547.9382 |
| K07712 | 1444.01 | 262.19 | 537.374 | 3724.73087 |
| K07713 | 44021.8 | 854.033 | 2917.15 | 9178.70949 |
| K07714 | 13374.9 | 3582.16 | 3379.62 | 14595.1465 |
| K07715 | 289.952 | 219.995 | 211.204 | 1563.91288 |
| K07716 | 793.623 | 577.961 | 520.232 | 3318.81165 |
| K07726 | 251.082 | 51.6585 | 62.4629 | 895.658341 |
| K07727 | 1203.05 | 138.771 | 215.833 | 2783.65141 |
| K07729 | 864.252 | 269.042 | 102.557 | 2369.35812 |
| K07734 | 474.223 | 120.976 | 72.2895 | 1459.52912 |
| K07735 | 741.463 | 225.6 | 207.281 | 2303.94847 |
| K07736 | 292.563 | 179.124 | 437.77 | 1817.08433 |
| K07738 | 1506.31 | 338.896 | 311.352 | 3625.59013 |
| K07739 | 448.156 | 31.0415 | 10.796 | 1075.08022 |
| K07749 | 808.028 | 322.294 | 402.057 | 2834.97051 |
| K07751 | 269.384 | 3.93701 | 14.5138 | 690.085362 |
| K07755 | 532.752 | 169.649 | 161.602 | 1812.13017 |
| K07768 | 571.664 | 168.932 | 325.805 | 2124.49996 |
| K07776 | 523.237 | 361.008 | 37.6719 | 1867.29825 |
| K07777 | 669.103 | 388.118 | 169.653 | 2388.77724 |
| K07778 | 173.387 | 110.57 | 23.0039 | 775.45486 |
| K07787 | 773.098 | 502.744 | 852.878 | 3550.08358 |
| K07788 | 989.6 | 498.148 | 580.889 | 3555.65421 |
| K07789 | 948.167 | 407.54 | 658.891 | 3461.69647 |
| K07792 | 291.123 | 20.2248 | 0 | 733.621892 |
| K07793 | 1293.07 | 1396.99 | 424.046 | 4725.60442 |
| K07794 | 488.018 | 73.4654 | 87.9655 | 1415.92077 |
| K07795 | 562.775 | 319.417 | 143.847 | 2077.98493 |
| K07798 | 164.517 | 125.214 | 463.434 | 1495.9223 |
| K07799 | 254.247 | 274.284 | 206.077 | 1577.682 |
| K07806 | 45.9903 | 21.3776 | 1300.23 | 1812.68197 |
| K07814 | 1897.94 | 865.811 | 2427.17 | 6486.14827 |
| K07979 | 403.815 | 252.731 | 355.877 | 2034.40456 |
| K08070 | 251.272 | 51.8819 | 0.912409 | 741.198591 |
| K08081 | 360.106 | 29.829 | 43.9468 | 1003.24694 |
| K08082 | 49.7281 | 147.673 | 279.629 | 1024.60877 |
| K08083 | 239.02 | 36.9171 | 293.226 | 1228.67578 |
| K08084 | 238.126 | 54.9833 | 53.9896 | 860.011122 |
| K08086 | 170.39 | 70.3799 | 76.353 | 804.658909 |
| K08093 | 151.289 | 88.9753 | 36.1838 | 716.697328 |
| K08139 | 519.053 | 63.3618 | 69.8996 | 1407.70134 |
| K08151 | 335.43 | 184.045 | 193.689 | 1556.75058 |
| K08161 | 422.313 | 27.3052 | 14.2709 | 1031.53773 |
| K08166 | 287.175 | 149.87 | 17.2291 | 1060.56542 |
| K08167 | 874.676 | 222.162 | 190.646 | 2460.78159 |
| K08169 | 151.063 | 79.2591 | 143.107 | 908.301856 |
| K08172 | 616.126 | 519.966 | 547.67 | 3012.60844 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K08173 | 1549.84 | 8.6142 | 11.2091 | 2506.09994 |
| K08178 | 423.104 | 35.142 | 30.6183 | 1094.89665 |
| K08191 | 850.132 | 582.007 | 1205.99 | 4081.71197 |
| K08195 | 159.719 | 184.076 | 108.998 | 1067.78976 |
| K08218 | 860.806 | 271.05 | 406.78 | 2834.9652 |
| K08223 | 511.6 | 215.15 | 186.247 | 1899.3065 |
| K08234 | 158.049 | 53.3157 | 141.555 | 862.830296 |
| K08281 | 354.166 | 153.113 | 80.4767 | 1331.66634 |
| K08282 | 1066.37 | 516.122 | 115.664 | 3025.63484 |
| K08289 | 315.99 | 292.324 | 126.071 | 1586.4354 |
| K08295 | 632.562 | 203.007 | 159.451 | 2023.7566 |
| K08296 | 640.85 | 339.667 | 265.026 | 2424.8034 |
| K08299 | 220.209 | 51.8057 | 26.7549 | 754.323782 |
| K08300 | 1111.21 | 650.415 | 269.454 | 3507.37816 |
| K08301 | 1134.6 | 494.468 | 593.727 | 3754.40707 |
| K08303 | 242.681 | 94.6108 | 75.3455 | 999.955413 |
| K08304 | 303.959 | 118.612 | 103.515 | 1219.66451 |
| K08305 | 678.002 | 198.451 | 95.7827 | 1969.27611 |
| K08307 | 919.31 | 278.992 | 271.138 | 2740.54766 |
| K08309 | 1113.61 | 535.002 | 401.728 | 3547.63451 |
| K08311 | 368.958 | 121.694 | 69.2567 | 1275.12836 |
| K08316 | 557.52 | 121.679 | 56.8944 | 1563.25023 |
| K08322 | 1594.2 | 61.0955 | 10.9892 | 2689.61641 |
| K08323 | 484.144 | 645.876 | 179.743 | 2458.90086 |
| K08351 | 325.73 | 139.052 | 22.3195 | 1124.59313 |
| K08369 | 478.914 | 200.515 | 132.216 | 1728.10303 |
| K08372 | 639.194 | 140.622 | 203.299 | 1993.53573 |
| K08481 | 215.993 | 23.8267 | 70.8646 | 775.470932 |
| K08482 | 1818.66 | 633.393 | 1467.15 | 5527.87529 |
| K08483 | 783.053 | 485.351 | 436.406 | 3078.2834 |
| K08484 | 450.053 | 262.261 | 141.609 | 1800.50075 |
| K08591 | 599.207 | 263.892 | 352.303 | 2366.60164 |
| K08602 | 755.602 | 582.596 | 481.702 | 3223.24651 |
| K08641 | 315.144 | 64.2897 | 49.298 | 1016.27789 |
| K08676 | 1941 | 1064.23 | 1369.45 | 6064.53068 |
| K08678 | 1088.61 | 589.667 | 379.972 | 3557.3784 |
| K08679 | 2157.9 | 296.388 | 524.413 | 4532.69116 |
| K08680 | 282.681 | 85.9083 | 48.0168 | 1000.11284 |
| K08681 | 221.878 | 192.399 | 71.562 | 1136.60672 |
| K08683 | 614.935 | 133.417 | 140.11 | 1836.47065 |
| K08691 | 150.291 | 130.742 | 38.503 | 803.690766 |
| K08714 | 129.4 | 156.217 | 53.5869 | 840.069586 |
| K08737 | 412.158 | 20.7058 | 29.0571 | 1034.83268 |
| K08738 | 1412.17 | 598.774 | 534.952 | 4162.45759 |
| K08744 | 563.195 | 288.986 | 217.664 | 2153.60814 |
| K08764 | 231.277 | 145.753 | 146.11 | 1210.94639 |
| K08776 | 447.536 | 410.085 | 140.019 | 2018.08836 |
| K08801 | 440.397 | 1.92308 | 0 | 941.668271 |
| K08857 | 329.674 | 9.05662 | 18.8034 | 829.991983 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K08867 | 137.443 | 57.7858 | 121.308 | 792.260721 |
| K08869 | 421.933 | 164.162 | 276.145 | 1799.78085 |
| K08878 | 1.3587 | 12.2807 | 838.607 | 1241.36443 |
| K08884 | 1225.62 | 657.807 | 2888.85 | 5704.00063 |
| K08963 | 639.259 | 349.072 | 649.79 | 2923.52201 |
| K08964 | 129.599 | 78.8719 | 48.2325 | 675.527036 |
| K08968 | 605.618 | 160.26 | 138.289 | 1869.22888 |
| K08972 | 581.382 | 502.675 | 132.33 | 2349.29306 |
| K08973 | 461.501 | 177.475 | 168.71 | 1721.90647 |
| K08976 | 270.51 | 105.616 | 103.54 | 1131.21106 |
| K08981 | 315.319 | 72.2445 | 60.7812 | 1059.11428 |
| K08984 | 189.828 | 57.4413 | 217.08 | 1064.25053 |
| K08994 | 245.598 | 140.319 | 102.153 | 1148.61064 |
| K08995 | 924.505 | 406.342 | 341.425 | 3040.27116 |
| K08998 | 678.27 | 175.025 | 499.382 | 2524.73408 |
| K08999 | 853.804 | 244.807 | 451.578 | 2839.72192 |
| K09001 | 294.445 | 185.004 | 85.5186 | 1290.96188 |
| K09003 | 380.281 | 179.147 | 158.099 | 1568.31179 |
| K09005 | 801.046 | 298.075 | 187.275 | 2475.36239 |
| K09013 | 2305.9 | 345.222 | 373.502 | 4562.40955 |
| K09014 | 1654.71 | 4615 | 1276.74 | 7890.7054 |
| K09015 | 1485.1 | 455.937 | 412.251 | 3906.95853 |
| K09019 | 215.942 | 104.368 | 20.1342 | 842.437138 |
| K09020 | 437.454 | 91.9914 | 47.9056 | 1287.54941 |
| K09022 | 1071.9 | 366.207 | 981.306 | 3888.41036 |
| K09065 | 154.32 | 69.9952 | 38.1061 | 687.024228 |
| K09117 | 508.62 | 603.673 | 294.988 | 2623.8995 |
| K09118 | 745.059 | 725.943 | 348.557 | 3211.31569 |
| K09121 | 672.488 | 221.561 | 159.078 | 2115.43721 |
| K09123 | 218.202 | 79.3539 | 38.3094 | 839.494835 |
| K09125 | 268.115 | 391.792 | 91.2194 | 1581.9003 |
| K09131 | 303.28 | 137.546 | 48.5247 | 1142.80008 |
| K09134 | 572.467 | 210.014 | 142.517 | 1913.37479 |
| K09136 | 243.504 | 122.347 | 30.5646 | 958.641162 |
| K09159 | 326.455 | 443.414 | 45.3187 | 1667.86376 |
| K09160 | 225.242 | 60.2641 | 38.5655 | 812.05979 |
| K09164 | 300.004 | 174.524 | 105.437 | 1321.05344 |
| K09165 | 964.471 | 325.354 | 115.379 | 2618.97533 |
| K09166 | 385.035 | 311.469 | 216.595 | 1892.05001 |
| K09167 | 284.439 | 46.0805 | 45.4445 | 908.836766 |
| K09181 | 1535.04 | 553.553 | 416.358 | 4100.54706 |
| K09188 | 138.68 | 116.198 | 28.1039 | 725.2482 |
| K09228 | 2862.96 | 291.882 | 391.117 | 5015.0559 |
| K09229 | 224.302 | 25.0744 | 39.333 | 726.635167 |
| K09239 | 294.614 | 25.7882 | 17.9614 | 810.587682 |
| K09275 | 405.63 | 1.40449 | 0 | 880.469241 |
| K09276 | 1.16822 | 429.845 | 0 | 797.890144 |
| K09291 | 269.883 | 65.9086 | 16.0245 | 855.047374 |
| K09386 | 486.07 | 239.407 | 60.1215 | 1666.16072 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K09422 | 661.171 | 408.559 | 30.2005 | 2133.7028 |
| K09456 | 209.998 | 171.373 | 71.771 | 1075.84599 |
| K09457 | 1083.82 | 367.11 | 492.314 | 3390.1413 |
| K09458 | 4049.92 | 1538.54 | 1430.64 | 8371.34917 |
| K09461 | 1565.09 | 489.647 | 335.787 | 3942.2729 |
| K09471 | 434.549 | 295.734 | 165.049 | 1868.34279 |
| K09472 | 460.159 | 52.838 | 16.5529 | 1164.0085 |
| K09478 | 2312.77 | 188.65 | 131.175 | 3944.6332 |
| K09479 | 578.328 | 51.7872 | 124.51 | 1580.97492 |
| K09511 | 0 | 0 | 404.891 | 704.259126 |
| K09568 | 457.678 | 39.9977 | 7.5518 | 1103.76683 |
| K09569 | 134.97 | 332.523 | 12.987 | 1047.5038 |
| K09584 | 0 | 651.811 | 10.1523 | 1117.64672 |
| K09596 | 0 | 52.356 | 532.609 | 1007.37913 |
| K09607 | 154.786 | 96.0602 | 46.9174 | 763.542344 |
| K09667 | 907.772 | 879.8 | 493.739 | 3803.69892 |
| K09690 | 1400.26 | 535.961 | 756.529 | 4312.16615 |
| K09691 | 1952.37 | 591.234 | 1337.3 | 5516.45417 |
| K09694 | 550.428 | 145.71 | 34.0915 | 1546.55444 |
| K09695 | 383.398 | 109.53 | 118.127 | 1371.46607 |
| K09696 | 203.069 | 104.274 | 51.17 | 890.100727 |
| K09697 | 155.302 | 183.516 | 40.0319 | 915.527207 |
| K09698 | 109.714 | 173.266 | 35.1979 | 785.14742 |
| K09699 | 655.767 | 156.816 | 58.314 | 1785.0493 |
| K09705 | 107.742 | 90.3481 | 68.0393 | 693.086565 |
| K09710 | 1060.02 | 378.038 | 125.699 | 2843.26854 |
| K09747 | 1006.48 | 204.223 | 158.777 | 2555.576 |
| K09748 | 929.789 | 246.327 | 514.108 | 3023.88648 |
| K09760 | 559.742 | 405.884 | 718.61 | 2957.54662 |
| K09761 | 452.305 | 213.469 | 207.17 | 1832.65654 |
| K09764 | 271.61 | 74.9877 | 1.81488 | 835.322248 |
| K09767 | 620.772 | 195.381 | 882.004 | 2886.42348 |
| K09768 | 159.647 | 84.5563 | 33.2879 | 718.398933 |
| K09769 | 660.964 | 193.974 | 113.294 | 1968.98209 |
| K09771 | 256.12 | 144.488 | 223.254 | 1384.05803 |
| K09772 | 709.341 | 40.5305 | 27.2456 | 1552.50827 |
| K09773 | 506.822 | 134.578 | 132.048 | 1653.39845 |
| K09774 | 333.631 | 108.461 | 91.1492 | 1229.87642 |
| K09778 | 232.516 | 86.6836 | 167.976 | 1133.8445 |
| K09779 | 191.065 | 172.109 | 31.6713 | 950.163957 |
| K09780 | 302.103 | 148.434 | 17.6701 | 1086.82891 |
| K09781 | 249.866 | 140.331 | 166.903 | 1272.65912 |
| K09786 | 310.204 | 131.389 | 69.4263 | 1188.58905 |
| K09791 | 358.782 | 120.598 | 138.559 | 1386.94357 |
| K09793 | 145.187 | 71.2327 | 137.988 | 869.196414 |
| K09796 | 356.418 | 133.674 | 53.1641 | 1241.90581 |
| K09797 | 206.733 | 20.1555 | 47.9608 | 697.95148 |
| K09800 | 1319.06 | 711.061 | 476.483 | 4118.3455 |
| K09803 | 296.417 | 174.069 | 84.8327 | 1273.71221 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K09806 | 166.11 | 69.6695 | 75.273 | 791.899616 |
| K09807 | 445.323 | 234.497 | 362.698 | 2084.10107 |
| K09808 | 1349.39 | 675.36 | 534.84 | 4182.51191 |
| K09810 | 944.694 | 1114.12 | 2211.71 | 5498.68555 |
| K09811 | 775.479 | 227.333 | 179.913 | 2311.68399 |
| K09811 | 775.479 | 227.333 | 179.913 | 2311.68399 |
| K09812 | 742.02 | 308.334 | 250.002 | 2504.99045 |
| K09815 | 170.309 | 297.71 | 26.8842 | 1106.04677 |
| K09816 | 281.788 | 308.465 | 83.1988 | 1466.99823 |
| K09817 | 58.3455 | 280.41 | 229.473 | 1199.58269 |
| K09822 | 287.347 | 48.9141 | 60.9206 | 954.852915 |
| K09823 | 164.213 | 68.6733 | 41.263 | 712.465307 |
| K09862 | 244.655 | 58.4362 | 30.6891 | 827.236661 |
| K09874 | 127.531 | 156.248 | 60.2834 | 850.422751 |
| K09882 | 371.386 | 160.636 | 83.1852 | 1381.45397 |
| K09883 | 176.661 | 73.495 | 73.8329 | 819.441287 |
| K09888 | 418.516 | 252.966 | 137.84 | 1725.32124 |
| K09903 | 3159.48 | 651.983 | 680.308 | 6107.98645 |
| K09915 | 192.673 | 554.542 | 70.952 | 1615.63714 |
| K09919 | 329.973 | 231.436 | 182.841 | 1610.914 |
| K09922 | 397.467 | 178.516 | 64.2536 | 1420.64577 |
| K09927 | 456.455 | 361.764 | 109.53 | 1907.24352 |
| K09930 | 322.633 | 205.944 | 139.941 | 1480.99524 |
| K09932 | 141.248 | 96.8022 | 40.2556 | 720.691311 |
| K09933 | 260.168 | 77.6875 | 60.4993 | 967.118194 |
| K09936 | 231.104 | 129.68 | 62.1164 | 1019.80491 |
| K09940 | 300.1 | 86.35 | 36.4973 | 1007.17588 |
| K09949 | 512.792 | 79.399 | 151.548 | 1586.06916 |
| K09950 | 333.579 | 30.1977 | 22.8141 | 906.081552 |
| K09955 | 841.017 | 341.996 | 261.713 | 2715.8247 |
| K09957 | 277.958 | 81.197 | 37.0355 | 956.142278 |
| K09958 | 200.074 | 67.3274 | 60.8523 | 826.949136 |
| K09967 | 139.491 | 92.9889 | 150.175 | 924.503009 |
| K09969 | 275.487 | 142.264 | 75.3875 | 1156.87772 |
| K09970 | 179.214 | 82.4991 | 40.5055 | 772.074468 |
| K09970 | 179.214 | 82.4991 | 40.5055 | 772.074468 |
| K09971 | 235.666 | 101.075 | 67.8747 | 984.163243 |
| K09972 | 117.68 | 89.4463 | 48.3318 | 671.472891 |
| K09973 | 410.107 | 182.572 | 156.345 | 1623.09751 |
| K09981 | 465.944 | 115.95 | 48.2851 | 1384.66069 |
| K09983 | 222.362 | 184.626 | 94.0632 | 1168.73518 |
| K09985 | 228.283 | 41.8639 | 26.4363 | 745.918565 |
| K09986 | 140.283 | 78.5337 | 64.0583 | 732.555696 |
| K09989 | 272.246 | 76.2836 | 30.8527 | 920.071762 |
| K09990 | 305.428 | 301.927 | 95.0474 | 1524.08183 |
| K09991 | 350.184 | 24.8061 | 57.3013 | 1002.00652 |
| K09992 | 525.444 | 207.049 | 350.878 | 2153.1054 |
| K10001 | 292.679 | 125.352 | 93.0532 | 1191.83912 |
| K10005 | 130.1 | 53.5104 | 77.5381 | 682.289394 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K10026 | 1053.77 | 231.111 | 1025.65 | 3692.93719 |
| K10027 | 482.135 | 137.591 | 127.695 | 1610.94631 |
| K10111 | 257.593 | 413.885 | 1545.69 | 3165.13862 |
| K10112 | 16050.6 | 2675.89 | 865.342 | 12988.1326 |
| K10117 | 578.889 | 224.551 | 71.2446 | 1813.40922 |
| K10118 | 1086.21 | 302.105 | 131.383 | 2772.73876 |
| K10119 | 554.49 | 315.267 | 87.0076 | 1953.06674 |
| K10126 | 952.279 | 131.494 | 31.9486 | 2100.66779 |
| K10133 | 249.681 | 75.3238 | 47.2037 | 912.832586 |
| K10168 | 495.177 | 0 | 0 | 1024.5218 |
| K10206 | 418.22 | 168.027 | 144.361 | 1590.02815 |
| K10215 | 326.413 | 172.868 | 184.43 | 1505.26728 |
| K10218 | 303.376 | 75.9643 | 62.7855 | 1049.48475 |
| K10220 | 225.407 | 131.21 | 99.3309 | 1086.30045 |
| K10232 | 262.192 | 143.926 | 19.2227 | 1007.46694 |
| K10233 | 340.779 | 98.9603 | 50.6819 | 1139.8228 |
| K10234 | 165.373 | 176.921 | 46.2914 | 939.397054 |
| K10236 | 144.195 | 64.2039 | 73.7018 | 729.699205 |
| K10238 | 279.715 | 126.221 | 0 | 947.968725 |
| K10241 | 240.223 | 64.8611 | 2.7027 | 755.908924 |
| K10255 | 185.102 | 94.2425 | 124.35 | 977.969242 |
| K10272 | 428.87 | 0 | 0 | 914.108953 |
| K10352 | 164.479 | 37.0808 | 170.756 | 887.888792 |
| K10357 | 781.842 | 37.0169 | 42.5197 | 1685.78003 |
| K10362 | 261.644 | 0 | 20.206 | 675.281377 |
| K10380 | 495.824 | 167.935 | 89.5468 | 1618.14241 |
| K10392 | 43.6413 | 1435.74 | 1.81818 | 2038.50714 |
| K10407 | 757.488 | 966.569 | 214.729 | 3301.72101 |
| K10408 | 690.612 | 553.265 | 299.085 | 2847.94146 |
| K10439 | 2017.96 | 1290.05 | 641.778 | 5694.23622 |
| K10439 | 2017.96 | 1290.05 | 641.778 | 5694.23622 |
| K10440 | 3000.15 | 1013.46 | 700.626 | 6402.61963 |
| K10440 | 3000.15 | 1013.46 | 700.626 | 6402.61963 |
| K10441 | 14053.8 | 1341.04 | 857.386 | 11678.1515 |
| K10448 | 318.516 | 11.7053 | 7.8125 | 786.927034 |
| K10529 | 135.906 | 89.3442 | 28.2066 | 664.858048 |
| K10536 | 619.454 | 243.338 | 211.847 | 2158.20249 |
| K10543 | 318.865 | 114.116 | 157.266 | 1334.91482 |
| K10544 | 290.268 | 212.17 | 217.809 | 1561.58112 |
| K10545 | 434.709 | 278.724 | 185.529 | 1875.84357 |
| K10553 | 125.579 | 138.624 | 48.8414 | 788.143935 |
| K10554 | 135.781 | 120.983 | 28.1019 | 728.30768 |
| K10559 | 161.931 | 136.21 | 15.0035 | 780.291721 |
| K10559 | 161.931 | 136.21 | 15.0035 | 780.291721 |
| K10562 | 214.457 | 405.274 | 203.473 | 1693.83891 |
| K10563 | 1399.73 | 740.064 | 530.024 | 4313.94821 |
| K10582 | 26.7565 | 0 | 602.026 | 1032.70498 |
| K10595 | 369.646 | 78.0757 | 138.229 | 1318.4511 |
| K10615 | 155.686 | 55.942 | 176.991 | 924.479066 |

| K10674 | 234.905 | 26.751 | 11.4167 | 681.224 |
|-----------|----------------|--------------|---------------|---------------|
| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
| K10680 | 535.159 | 153.625 | 128.801 | 1729.14919 |
| K10683 | 0 | 3.27511 | 631.515 | 989.507632 |
| K10697 | 132.776 | 95.0092 | 131.295 | 880.629783 |
| K10715 | 2343.65 | 34.758 | 96.365 | 3596.47172 |
| K10716 | 866.92 | 640.711 | 508.731 | 3487.30346 |
| K10747 | 2103.14 | 1079.27 | 697.012 | 5636.42639 |
| K10758 | 347.476 | 10.9375 | 1.9685 | 817.961537 |
| K10764 | 606.671 | 293.379 | 239.295 | 2262.08017 |
| K10773 | 1354.33 | 605.124 | 519.594 | 4083.44643 |
| K10778 | 554.679 | 390.124 | 630.665 | 2831.49135 |
| K10804 | 1412.93 | 369.794 | 2661.66 | 5438.72357 |
| K10805 | 514.345 | 212.118 | 177.037 | 1883.33196 |
| K10806 | 1102.76 | 112.4 | 210.033 | 2596.0401 |
| K10823 | 1085.02 | 4731.88 | 1618.49 | 7510.22166 |
| K10823 | 1085.02 | 4731.88 | 1618.49 | 7510.22166 |
| K10831 | 194.568 | 26.7448 | 642.719 | 1552.00428 |
| K10843 | 185.703 | 205.645 | 17.2653 | 961.951005 |
| K10907 | 374.968 | 396.192 | 168.668 | 1923.00919 |
| K10914 | 988.368 | 744.476 | 614.979 | 3901.14587 |
| K10924 | 1295.65 | 1.01833 | 1.14416 | 2148.93033 |
| K10943 | 219.261 | 44.3191 | 20.835 | 719.743672 |
| K10947 | 4589.57 | 1536.11 | 1501.13 | 8796.55563 |
| K10979 | 2591.81 | 1191.96 | 768.831 | 6291.88659 |
| K11004 | 296.492 | 67.4351 | 40.7788 | 969.628234 |
| K11068 | 730.713 | 258.145 | 120.974 | 2195.30059 |
| K11069 | 631.868 | 336.609 | 209.42 | 2320.93425 |
| K11069 | 631.868 | 336.609 | 209.42 | 2320.93425 |
| K11070 | 615.202 | 309.77 | 382.558 | 2504.82821 |
| K11071 | 1043.08 | 779.082 | 503.89 | 3884.22071 |
| K11072 | 2857.74 | 401.34 | 572.741 | 5398.9412 |
| K11073 | 431.971 | 211.52 | 188.473 | 1764.85218 |
| K11074 | 100.663 | 128.733 | 29.1424 | 666.63577 |
| K11075 | 530.97 | 68.405 | 22.7601 | 1331.23112 |
| K11076 | 281.885 | 133.085 | 136.625 | 1267.39994 |
| K11085 | 1931.08 | 1752.82 | 2654.03 | 7464.52716 |
| K11089 | 127.142 | 100.756 | 87.2145 | 797.200498 |
| K11102 | 400.168 | 221.774 | 242.579 | 1813.44855 |
| K11103 | 647.811 | 439.57 | 165.624 | 2423.17141 |
| K11105 | 351.451 | 216.491 | 47.1701 | 1369.15019 |
| K11124 | 1.9084 | 1822.61 | 0 | 2224.99951 |
| K11147 | 214.545 | 128.573 | 736.196 | 1915.60551 |
| K11159 | 112.322 | 97.7328 | 63.2786 | 708.871778 |
| K11163 | 126.236 | 83.9963 | 318.501 | 1137.70579 |
| K11173 | 242.83 | 136.131 | 79.7296 | 1091.43828 |
| K11175 | 1146.23 | 415.5 | 336.19 | 3337.73215 |
| K11177 | 1148.92 | 553.904 | 459.777 | 3691.60061 |
| K11178 | 378.315 | 290.844 | 191.059 | 1807.1065 |
| K11187 | 231.258 | 101.127 | 30.9966 | 893.426253 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K11188 | 929.269 | 198.372 | 175.064 | 2469.17623 |
| K11189 | 814.904 | 129.402 | 156.546 | 2152.64938 |
| K11209 | 12149.8 | 684.688 | 243.542 | 9853.19782 |
| K11212 | 351.333 | 96.2852 | 75.5874 | 1205.90144 |
| K11216 | 338.145 | 24.6844 | 11.7049 | 870.146839 |
| K11263 | 998.683 | 213.546 | 81.9396 | 2419.93183 |
| K11264 | 304.878 | 23.0769 | 4.97018 | 785.005814 |
| K11294 | 331.618 | 84.7827 | 34.2973 | 1056.35164 |
| K11326 | 305.083 | 231.27 | 68.3227 | 1355.6202 |
| K11354 | 1137.86 | 219.887 | 2329.82 | 4694.27302 |
| K11355 | 235.069 | 106.44 | 76.597 | 1011.78175 |
| K11358 | 50.5693 | 70.0454 | 152.59 | 669.134353 |
| K11381 | 1803.87 | 485.907 | 1531.39 | 5368.22912 |
| K11384 | 55.7525 | 45.2442 | 454.842 | 1064.0397 |
| K11407 | 825.983 | 276.561 | 124.362 | 2368.2821 |
| K11414 | 214.02 | 78.7695 | 0 | 724.03467 |
| K11422 | 133.686 | 130.534 | 69.8322 | 835.584337 |
| K11443 | 414.724 | 157.008 | 108.597 | 1499.06791 |
| K11472 | 217.344 | 185.065 | 72.1568 | 1115.8601 |
| K11473 | 637.408 | 298.069 | 219.033 | 2285.19848 |
| K11477 | 242.046 | 78.5787 | 73.6203 | 961.442899 |
| K11494 | 134.914 | 606.087 | 185.936 | 1768.43612 |
| K11517 | 605.921 | 90.5343 | 10.5113 | 1463.63274 |
| K11527 | 3835.23 | 2227.47 | 2684.3 | 9504.07446 |
| K11529 | 716.414 | 222.918 | 165.724 | 2194.40622 |
| K11532 | 343.661 | 89.5894 | 44.5039 | 1111.80597 |
| K11593 | 761.975 | 5.92476 | 93.7075 | 1678.39644 |
| K11608 | 732.353 | 0 | 0 | 1390.76852 |
| K11617 | 301.486 | 127.041 | 132.102 | 1284.22382 |
| K11618 | 462.241 | 505.338 | 618.635 | 2828.40952 |
| K11624 | 302.715 | 285.558 | 152.122 | 1597.42398 |
| K11645 | 434.621 | 170.987 | 81.8377 | 1506.68908 |
| K11665 | 321.615 | 110.843 | 15.2749 | 1043.58847 |
| K11710 | 583.783 | 78.664 | 28.5652 | 1451.72288 |
| K11717 | 2531.91 | 4456.55 | 1339.92 | 8767.44081 |
| K11719 | 309.964 | 178.484 | 80.7744 | 1298.58091 |
| K11720 | 692.954 | 262.343 | 257.74 | 2371.33264 |
| K11729 | 757.683 | 216.023 | 140.2 | 2198.89914 |
| K11731 | 113.074 | 205.572 | 28.4884 | 833.684714 |
| K11735 | 138.34 | 104.685 | 17.4346 | 674.179544 |
| K11740 | 149.197 | 30.0185 | 89.6258 | 691.047243 |
| K11741 | 2851.35 | 224.259 | 727.123 | 5288.23149 |
| K11747 | 601.457 | 233.944 | 138.519 | 1992.1644 |
| K11749 | 1593.48 | 740.302 | 490.884 | 4490.79651 |
| K11751 | 153.482 | 122.707 | 37.7604 | 793.228346 |
| K11752 | 1555.59 | 368.421 | 796.105 | 4299.9897 |
| K11753 | 787.516 | 467.701 | 255.65 | 2811.45749 |
| K11754 | 1132.5 | 1818.14 | 1306.22 | 5756.77552 |
| K11755 | 411.202 | 60.3501 | 53.3854 | 1186.5055 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K11779 | 276.534 | 226.312 | 55.5209 | 1266.84504 |
| K11782 | 278.128 | 123.216 | 48.9092 | 1069.09717 |
| K11784 | 742.328 | 257.834 | 380.689 | 2610.24248 |
| K11785 | 361.307 | 138.076 | 248.949 | 1605.23991 |
| K11891 | 524.126 | 168.772 | 149.662 | 1776.13983 |
| K11893 | 258.699 | 59.1456 | 75.9381 | 955.455927 |
| K11895 | 155.768 | 78.3523 | 54.0017 | 744.063271 |
| K11896 | 275.194 | 123.663 | 117.698 | 1202.33814 |
| K11897 | 203.398 | 50.142 | 69.3788 | 812.477447 |
| K11900 | 754.289 | 248.102 | 161.515 | 2284.74309 |
| K11901 | 581.226 | 61.0022 | 49.6526 | 1457.91402 |
| K11903 | 277.758 | 196.26 | 59.2629 | 1225.58473 |
| K11904 | 608.77 | 316.22 | 237.214 | 2297.72887 |
| K11907 | 851.182 | 150.375 | 189.277 | 2298.37969 |
| K11921 | 451.167 | 72.8433 | 150.254 | 1468.17809 |
| K11927 | 1426.25 | 564.429 | 925.336 | 4546.72838 |
| K11935 | 9.29493 | 14.9542 | 6772.87 | 3579.08599 |
| K11936 | 479.404 | 129.99 | 48.6197 | 1435.10008 |
| K11939 | 244.005 | 75.6849 | 20.1483 | 837.756952 |
| K11940 | 159.044 | 35.1546 | 335.391 | 1121.34326 |
| K11942 | 281.598 | 430.613 | 136.883 | 1747.70264 |
| K11952 | 0 | 2.23214 | 622.246 | 975.410333 |
| K11953 | 569.235 | 8.59728 | 0 | 1173.74659 |
| K11957 | 311.669 | 0 | 5.22648 | 726.474166 |
| K11959 | 822.997 | 219.154 | 128.595 | 2277.04684 |
| K11960 | 201.523 | 187.361 | 153.855 | 1240.86113 |
| K11961 | 193.885 | 164.265 | 320.435 | 1441.45625 |
| K11962 | 859.642 | 84.1454 | 50.7642 | 1921.46098 |
| K11963 | 267.648 | 70.9145 | 3477.49 | 3612.45355 |
| K11991 | 1070.35 | 340.16 | 244.613 | 2996.89265 |
| K11997 | 953.891 | 104.703 | 48.608 | 2088.52621 |
| K12035 | 929.572 | 481.112 | 356.639 | 3172.38127 |
| K12132 | 43587.7 | 41420.8 | 25230.9 | 12632.5688 |
| K12146 | 627.143 | 250.978 | 80.1712 | 1950.36161 |
| K12234 | 165.219 | 103.378 | 21.7016 | 740.477619 |
| K12235 | 370.763 | 64.4883 | 10.8118 | 1021.52756 |
| K12251 | 892.572 | 283.568 | 379.718 | 2863.37318 |
| K12256 | 184.761 | 70.7814 | 90.6163 | 863.837476 |
| K12257 | 261.504 | 330.144 | 194.944 | 1660.97079 |
| K12262 | 389.351 | 116.366 | 43.9475 | 1245.60053 |
| K12266 | 138.43 | 196.186 | 12.8143 | 833.034279 |
| K12297 | 169.39 | 81.8711 | 30.1099 | 725.626214 |
| K12308 | 347.896 | 1052.81 | 153.28 | 2635.64161 |
| K12339 | 3055.39 | 116.898 | 167.066 | 4543.33532 |
| K12340 | 677.879 | 289.546 | 256.972 | 2391.2391 |
| K12354 | 1826.32 | 5.61798 | 0 | 2764.40943 |
| K12368 | 306.84 | 172.215 | 123.915 | 1363.76568 |
| K12370 | 103.815 | 77.5232 | 75.4179 | 672.036236 |
| K12371 | 251.332 | 75.7865 | 3.52113 | 804.238597 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K12373 | 690.835 | 346.636 | 346.727 | 2627.27633 |
| K12374 | 149.926 | 204.692 | 83.1677 | 1033.11591 |
| K12375 | 329.893 | 332.653 | 22.0622 | 1457.25728 |
| K12405 | 346.79 | 117.258 | 704.29 | 2109.1764 |
| K12409 | 23.4894 | 14.8552 | 302.112 | 692.698923 |
| K12410 | 1087.38 | 408.792 | 335.711 | 3252.07432 |
| K12424 | 383.066 | 165.757 | 18.4854 | 1266.3678 |
| K12436 | 385.254 | 108.68 | 20.4329 | 1166.3783 |
| K12441 | 74.6531 | 616.406 | 49.058 | 1385.9202 |
| K12443 | 106.744 | 93.1515 | 77.2577 | 715.534276 |
| K12444 | 299.073 | 116.543 | 177.632 | 1337.706 |
| K12446 | 148.346 | 133.407 | 52.2349 | 835.617329 |
| K12454 | 586.651 | 283.684 | 105.711 | 1990.27663 |
| K12460 | 150.523 | 220.593 | 286.93 | 1401.83598 |
| K12506 | 437.663 | 327.199 | 135.758 | 1871.50749 |
| K12507 | 231.532 | 35.7452 | 25.1428 | 734.061659 |
| K12508 | 310.056 | 131.417 | 389.281 | 1698.19894 |
| K12510 | 3562.02 | 447.19 | 1941.68 | 7189.44282 |
| K12511 | 1108.21 | 645.693 | 981.279 | 4310.93617 |
| K12524 | 277.656 | 267.485 | 164.929 | 1543.64011 |
| K12526 | 84.304 | 32.8902 | 186.735 | 724.159889 |
| K12541 | 221.891 | 166.805 | 54.3481 | 1054.4535 |
| K12542 | 415.067 | 136.474 | 32.5245 | 1302.36146 |
| K12543 | 298.773 | 58.2988 | 69.5516 | 1015.9588 |
| K12567 | 649.666 | 337.368 | 207.234 | 2345.70271 |
| K12573 | 1090.96 | 818.296 | 610.987 | 4116.20926 |
| K12574 | 1309.3 | 867.069 | 859.754 | 4704.50029 |
| K12583 | 231.754 | 42.1731 | 95.4191 | 902.047908 |
| K12598 | 177.605 | 83.8202 | 6.88763 | 684.74847 |
| K12600 | 3264.98 | 234.365 | 340.331 | 5192.25483 |
| K12602 | 764.299 | 111.369 | 0 | 1707.89101 |
| K12661 | 339.579 | 32.1108 | 69.2652 | 1027.18478 |
| K12733 | 514.767 | 57.7752 | 12.7475 | 1254.55964 |
| K12823 | 10.9543 | 19.6495 | 343.619 | 725.518935 |
| K12862 | 928.497 | 3.27869 | 0 | 1680.55025 |
| K12941 | 673.152 | 473.116 | 285.082 | 2694.75338 |
| K12945 | 291.535 | 30.8962 | 31.0671 | 851.221076 |
| K12960 | 630.988 | 516.624 | 670.896 | 3170.01947 |
| K12972 | 245.87 | 131.721 | 59.8714 | 1047.78512 |
| K13010 | 742.225 | 200.834 | 714.78 | 2908.6421 |
| K13013 | 225.13 | 20.5891 | 24.8281 | 681.275463 |
| K13015 | 1930.26 | 530.728 | 327.778 | 4383.19711 |
| K13017 | 412.223 | 3 | 68.6849 | 1070.10267 |
| K13018 | 626.478 | 70.3738 | 67.4594 | 1587.07119 |
| K13038 | 1488.9 | 1273.57 | 371.824 | 4776.20997 |
| K13049 | 178.7 | 75.1895 | 67.7025 | 814.715929 |
| K13051 | 595.115 | 262.124 | 80.279 | 1919.35182 |
| K13057 | 249.589 | 187.683 | 59.2825 | 1156.77375 |
| K13069 | 136.117 | 128.37 | 574.855 | 1574.37398 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K13075 | 239.18 | 132.884 | 41.8194 | 997.141558 |
| K13092 | 45.7624 | 48.1245 | 720.346 | 1349.21423 |
| K13111 | 397.648 | 17.1026 | 0 | 916.09074 |
| K13123 | 685.662 | 18.8696 | 4.91803 | 1400.09432 |
| K13126 | 258.95 | 38.7745 | 3.3557 | 733.485403 |
| K13128 | 1248.86 | 3.62867 | 5.72265 | 2116.9121 |
| K13239 | 206.312 | 56.0045 | 61.889 | 816.251123 |
| K13243 | 5641.27 | 243.734 | 762.278 | 7336.94142 |
| K13282 | 490.353 | 159.889 | 122.609 | 1656.92173 |
| K13283 | 229.392 | 76.3242 | 56.5512 | 895.974125 |
| K13288 | 394.1 | 131.743 | 82.288 | 1365.06812 |
| K13292 | 866.093 | 524.373 | 496.323 | 3322.45723 |
| K13297 | 535.874 | 0 | 0 | 1090.34228 |
| K13370 | 287.288 | 70.5329 | 84.4083 | 1052.01017 |
| K13409 | 7285.01 | 51.6312 | 29.0453 | 6792.66689 |
| K13444 | 887.95 | 952.026 | 308.178 | 3610.78563 |
| K13481 | 358.713 | 121.73 | 72.6575 | 1264.0904 |
| K13482 | 205.05 | 350.544 | 161.168 | 1524.83436 |
| K13483 | 562.237 | 299.247 | 221.892 | 2174.88578 |
| K13498 | 22.1642 | 211.632 | 108.583 | 781.951847 |
| K13525 | 899.764 | 1783.16 | 273.032 | 4335.2871 |
| K13527 | 113.4 | 144.917 | 40.0813 | 752.769597 |
| K13529 | 358.212 | 115.364 | 63.7343 | 1232.11762 |
| K13533 | 271.096 | 123.23 | 87.7078 | 1136.68236 |
| K13542 | 651.199 | 269.365 | 148.224 | 2143.61288 |
| K13566 | 255.142 | 48.4199 | 19.5637 | 796.313202 |
| K13570 | 325.609 | 34.603 | 15.7904 | 884.332344 |
| K13571 | 95.4434 | 99.1725 | 89.6168 | 726.273937 |
| K13574 | 306.71 | 31.0007 | 0 | 790.938647 |
| K13581 | 180.484 | 218.179 | 16.9449 | 971.819106 |
| K13584 | 84.992 | 163.637 | 35.6265 | 710.767315 |
| K13587 | 274.329 | 149.725 | 108.02 | 1232.41202 |
| K13590 | 379.777 | 116.234 | 50.9206 | 1244.23455 |
| K13592 | 181.61 | 64.5224 | 60.1395 | 781.361506 |
| K13598 | 1055.37 | 291.353 | 401.34 | 3122.64462 |
| K13599 | 1011.05 | 357.999 | 401.756 | 3166.98251 |
| K13611 | 230.898 | 252.595 | 173.202 | 1443.3432 |
| K13614 | 397.06 | 1086.67 | 550.984 | 3309.78765 |
| K13628 | 943.265 | 262.417 | 267.514 | 2741.07798 |
| K13634 | 152.829 | 100.47 | 85.2536 | 848.84117 |
| K13639 | 208.284 | 155.777 | 55.7023 | 1009.9866 |
| K13640 | 672.995 | 167.393 | 660.919 | 2688.83163 |
| K13641 | 134.48 | 93.4655 | 60.8715 | 744.576259 |
| K13643 | 207.639 | 44.5606 | 43.3047 | 751.352229 |
| K13652 | 206.221 | 54.5339 | 61.7658 | 812.424021 |
| K13668 | 484.205 | 153.916 | 80.7447 | 1555.90719 |
| K13688 | 1350.61 | 599.433 | 579.228 | 4141.73779 |
| K13702 | 186.7 | 41.8965 | 55.6129 | 729.648643 |
| K13735 | 105.416 | 73.4686 | 87.1122 | 690.380168 |

| | | | | |
|-----------|----------------|--------------|---------------|---------------|
| K13756 | 1.68919 | 0 | 1139.42 | 1477.55266 |
| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
| K13766 | 605.65 | 551.118 | 1095.92 | 3588.90275 |
| K13771 | 216.866 | 67.2046 | 10.3869 | 739.098553 |
| K13775 | 224.929 | 181.995 | 128.76 | 1233.92424 |
| K13787 | 188.252 | 302.629 | 133.091 | 1368.37413 |
| K13789 | 236.165 | 203.348 | 416.869 | 1725.34607 |
| K13796 | 206.378 | 132.446 | 60.3965 | 972.275196 |
| K13810 | 1205.11 | 234.397 | 166.241 | 2875.13895 |
| K13811 | 446.35 | 19.0508 | 0 | 1004.52514 |
| K13821 | 911.048 | 651.877 | 358.294 | 3369.7831 |
| K13829 | 547.476 | 17.4222 | 82.6175 | 1365.95981 |
| K13865 | 462.548 | 2.27273 | 17.8928 | 1035.43067 |
| K13877 | 70.6384 | 140.585 | 96.6282 | 761.489278 |
| K13888 | 183.989 | 67.816 | 59.3353 | 791.880114 |
| K13893 | 264.883 | 226.977 | 339.941 | 1718.48487 |
| K13894 | 266.031 | 65.2503 | 72.411 | 975.989928 |
| K13895 | 270.877 | 82.8392 | 32.6999 | 935.970596 |
| K13896 | 247.7 | 67.2725 | 87.3194 | 975.265167 |
| K13924 | 2542.85 | 1473.97 | 1212.9 | 6914.45057 |
| K13953 | 992.34 | 553.292 | 174.522 | 3080.22057 |
| K13954 | 414.86 | 137.091 | 166.921 | 1565.56725 |
| K13963 | 102.257 | 92.1742 | 157.259 | 851.302674 |
| K13979 | 5681.05 | 276.942 | 225.604 | 6747.19125 |
| K13985 | 289.038 | 110.802 | 90.5547 | 1151.50266 |
| K13993 | 1654.68 | 934.081 | 580.39 | 4882.40729 |
| K14051 | 2503.23 | 3496.86 | 685.848 | 7716.44125 |
| K14058 | 701.589 | 161.128 | 170.836 | 2072.29028 |
| K14059 | 167.377 | 51.8876 | 67.655 | 738.695489 |
| K14083 | 611.268 | 212.824 | 188.94 | 2057.28776 |
| K14136 | 158.134 | 70.7014 | 40.9085 | 703.210044 |
| K14152 | 168.837 | 0 | 146.052 | 746.936435 |
| K14155 | 166.341 | 79.3236 | 35.8032 | 727.403224 |
| K14161 | 818.906 | 241.609 | 166.104 | 2374.44918 |
| K14162 | 2630.83 | 1555.21 | 1057.66 | 6932.00875 |
| K14166 | 192.171 | 111.83 | 35.4835 | 847.382258 |
| K14170 | 636.814 | 217.238 | 163.658 | 2061.89686 |
| K14205 | 614.821 | 135.689 | 13.9842 | 1577.13042 |
| K14259 | 211.36 | 80.324 | 50.4268 | 855.370914 |
| K14260 | 287.01 | 327.435 | 192.1 | 1700.45828 |
| K14261 | 424.405 | 174.413 | 141.393 | 1606.90855 |
| K14266 | 725.148 | 274.032 | 526.903 | 2795.15447 |
| K14267 | 862.766 | 206.589 | 220.205 | 2464.86665 |
| K14286 | 293.357 | 115.909 | 112.309 | 1211.19921 |
| K14287 | 277.052 | 367.267 | 138.389 | 1650.46515 |
| K14310 | 74.3229 | 2644.84 | 2.22966 | 3012.5624 |
| K14314 | 296.346 | 24.8122 | 85.3219 | 961.796356 |
| K14333 | 178.591 | 107.405 | 75.5979 | 897.880401 |
| K14338 | 100.2 | 341.834 | 32.4534 | 1033.03231 |
| K14393 | 701.863 | 523.83 | 366.614 | 2919.99762 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K14407 | 115.687 | 74.4436 | 75.2425 | 692.199982 |
| K14414 | 146.787 | 150.719 | 25.6366 | 802.977305 |
| K14415 | 1212.79 | 556.901 | 573.072 | 3911.7825 |
| K14439 | 308.003 | 12.5312 | 3.57143 | 756.660266 |
| K14441 | 1721.57 | 470.762 | 600.257 | 4420.9524 |
| K14445 | 946 | 133.853 | 153.859 | 2338.17297 |
| K14446 | 213.215 | 49.8254 | 72.7091 | 838.339049 |
| K14447 | 120.701 | 104.575 | 36.9115 | 683.300991 |
| K14448 | 340.896 | 84.9002 | 28.7917 | 1060.03568 |
| K14520 | 101.301 | 69.429 | 141.906 | 773.80839 |
| K14534 | 255.636 | 21.0138 | 20.8848 | 731.813283 |
| K14572 | 274.464 | 24.6155 | 18.8004 | 771.922593 |
| K14607 | 689.124 | 356.091 | 136.094 | 2313.59496 |
| K14610 | 934.132 | 0 | 0 | 1675.22881 |
| K14645 | 1167.67 | 343.305 | 189.576 | 3039.49216 |
| K14647 | 100.349 | 100.754 | 58.4294 | 677.158193 |
| K14652 | 2076.28 | 2138.87 | 520.376 | 6304.12065 |
| K14660 | 13.2409 | 21.4437 | 358.812 | 758.609487 |
| K14682 | 151.448 | 72.8237 | 63.046 | 742.245389 |
| K14688 | 268.24 | 2.53165 | 9.56938 | 668.92557 |
| K14731 | 105.303 | 117.256 | 117.164 | 837.870307 |
| K14733 | 213.888 | 343.325 | 121.079 | 1461.01099 |
| K14742 | 546.287 | 128.17 | 134.407 | 1708.75153 |
| K14753 | 58.7784 | 639.628 | 2 | 1252.82749 |
| K14772 | 221.511 | 36.5405 | 23.444 | 711.959255 |
| K14855 | 609.543 | 999.694 | 245.289 | 3162.6351 |
| K14941 | 194.331 | 58.0225 | 342.211 | 1258.6687 |
| K14950 | 197.698 | 10.8696 | 79.9318 | 720.6218 |
| K14963 | 1923.6 | 652.047 | 378.938 | 4600.29415 |
| K14971 | 31.1237 | 8.43541 | 297.26 | 688.687471 |
| K14980 | 260.801 | 89.5085 | 50.8176 | 972.413226 |
| K14981 | 171.462 | 117.958 | 111.079 | 973.02625 |
| K14982 | 798.631 | 43.1953 | 10.6312 | 1644.61366 |
| K14986 | 400.481 | 122.618 | 34.7436 | 1255.8355 |
| K14987 | 121.409 | 568.67 | 302.279 | 1868.66484 |
| K14998 | 1196.77 | 52.7174 | 46.0063 | 2286.15957 |
| K15011 | 283.374 | 53.2682 | 17.5147 | 855.848728 |
| K15016 | 337.621 | 77.7891 | 880.904 | 2190.68824 |
| K15034 | 619.246 | 173.922 | 171.216 | 1971.86224 |
| K15066 | 106.079 | 118.879 | 44.0815 | 695.095128 |
| K15125 | 315.196 | 56.7706 | 52.6046 | 1006.66618 |
| K15257 | 149.461 | 108.649 | 169.553 | 1011.18815 |
| K15268 | 293.543 | 109.185 | 37.4962 | 1044.22796 |
| K15371 | 2135.87 | 888.313 | 673.703 | 5443.61463 |
| K15372 | 1212.41 | 487.691 | 573.365 | 3819.95211 |
| K15376 | 406.912 | 32.7057 | 21.2766 | 1037.70412 |
| K15378 | 76.2106 | 523.843 | 3.73134 | 1154.39824 |
| K15383 | 371.176 | 93.1208 | 62.2372 | 1206.82027 |
| K15396 | 337.707 | 19.7479 | 0 | 817.67309 |

| K15408 | 385.592 | 173.309 | 110.753 | 1482.52938 |
|-----------|----------------|--------------|---------------|---------------|
| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
| K15461 | 207.241 | 28.8397 | 28.9814 | 677.780878 |
| K15468 | 768.577 | 269.457 | 177.352 | 2366.89446 |
| K15502 | 176.31 | 45.1209 | 60.2132 | 725.775734 |
| K15510 | 337.882 | 176.984 | 45.532 | 1272.04279 |
| K15512 | 244.195 | 253.789 | 106.525 | 1353.20102 |
| K15513 | 177.128 | 166.597 | 232.181 | 1281.1806 |
| K15521 | 590.389 | 180.587 | 317.511 | 2163.13702 |
| K15526 | 265.09 | 47.5773 | 13.8226 | 797.91203 |
| K15532 | 190.947 | 100.29 | 130.976 | 1014.37668 |
| K15539 | 494.061 | 32.9077 | 31.0872 | 1208.81366 |
| K15552 | 229.402 | 59.2186 | 168.474 | 1068.63267 |
| K15553 | 483.909 | 178.916 | 108.01 | 1653.83226 |
| K15554 | 305.561 | 186.331 | 61.93 | 1265.62825 |
| K15555 | 336.865 | 145.294 | 35.9285 | 1189.9067 |
| K15576 | 263.498 | 180.736 | 308.962 | 1592.24162 |
| K15577 | 256.344 | 125.607 | 273.505 | 1424.66478 |
| K15578 | 236.392 | 86.9834 | 73.2663 | 967.547075 |
| K15580 | 839.062 | 489.117 | 361.66 | 3064.87569 |
| K15581 | 735.119 | 1084.1 | 186.112 | 3344.31618 |
| K15582 | 803.989 | 167.774 | 204.117 | 2287.8119 |
| K15583 | 1002.38 | 415.172 | 313.539 | 3118.72245 |
| K15633 | 633.172 | 574.962 | 490.5 | 3042.03052 |
| K15634 | 1105.35 | 385.392 | 229 | 3085.21496 |
| K15635 | 207.425 | 76.2097 | 51.9147 | 841.904441 |
| K15642 | 35.9476 | 0 | 315.574 | 698.382916 |
| K15654 | 1589.28 | 956.888 | 763.37 | 5032.33088 |
| K15655 | 709.235 | 355.576 | 964.709 | 3355.77381 |
| K15656 | 105.492 | 53.4942 | 382.133 | 1110.40732 |
| K15664 | 197.484 | 132.743 | 88.4123 | 1012.08929 |
| K15665 | 233.402 | 88.6508 | 38.4529 | 889.556098 |
| K15666 | 942.422 | 460.728 | 215.996 | 2956.57479 |
| K15667 | 203.531 | 340.673 | 244.238 | 1640.55187 |
| K15682 | 536.095 | 29.7664 | 0 | 1180.08593 |
| K15724 | 499.759 | 155.479 | 482.452 | 2189.73344 |
| K15725 | 215.275 | 82.7668 | 59.7334 | 888.621945 |
| K15726 | 1322.34 | 489.011 | 224.04 | 3493.1938 |
| K15727 | 278.669 | 155.542 | 65.1917 | 1166.64427 |
| K15731 | 368.539 | 0.810373 | 0 | 813.48457 |
| K15736 | 438.266 | 78.213 | 85.4335 | 1338.40353 |
| K15738 | 1324.05 | 472.779 | 708.02 | 4085.57848 |
| K15772 | 300.911 | 77.8772 | 72.5075 | 1069.29798 |
| K15777 | 988.799 | 291.602 | 103.792 | 2577.43483 |
| K15778 | 1150.55 | 189.18 | 307.974 | 2947.67682 |
| K15789 | 90.1296 | 137.985 | 62.3468 | 734.730787 |
| K15836 | 294.756 | 680.139 | 310.745 | 2370.74697 |
| K15856 | 221.38 | 76.4129 | 49.51 | 864.921788 |
| K15862 | 222.932 | 67.9363 | 50.0789 | 850.743525 |
| K15866 | 1534.03 | 663.162 | 886.997 | 4758.95294 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K15894 | 488.819 | 58.0442 | 68.6094 | 1343.81797 |
| K15919 | 301.396 | 106.672 | 21.2767 | 1014.01745 |
| K15923 | 449.522 | 203.21 | 310.037 | 1964.88685 |
| K15975 | 1175.16 | 488.913 | 258.539 | 3364.34471 |
| K15977 | 1974.69 | 552.006 | 396.883 | 4550.77499 |
| K15980 | 356.715 | 25.6625 | 4.73934 | 884.971172 |
| K15981 | 570.905 | 115.515 | 65.1537 | 1589.80829 |
| K15987 | 1426.66 | 981.474 | 1101.37 | 5190.56393 |
| K16011 | 609.017 | 323.308 | 265.124 | 2351.22833 |
| K16012 | 102.66 | 1138.75 | 44.9196 | 2021.00441 |
| K16013 | 234.044 | 81.6973 | 126.551 | 1053.96594 |
| K16047 | 223.422 | 113.89 | 82.2115 | 1015.05034 |
| K16048 | 423.964 | 167.83 | 117.696 | 1551.57894 |
| K16051 | 1.74825 | 7.89474 | 1093.22 | 1466.10566 |
| K16052 | 206.256 | 101.342 | 142.442 | 1067.99556 |
| K16055 | 706.89 | 113.653 | 101.086 | 1865.19937 |
| K16066 | 275.07 | 199.961 | 90.4975 | 1290.72795 |
| K16079 | 384.097 | 273.163 | 76.848 | 1583.54933 |
| K16087 | 303.727 | 300.005 | 152.404 | 1622.54988 |
| K16088 | 251.505 | 129.41 | 82.2443 | 1100.37646 |
| K16089 | 355.245 | 447.45 | 261.325 | 2107.53425 |
| K16090 | 787.652 | 455.692 | 667.804 | 3315.82216 |
| K16091 | 158.428 | 67.1528 | 106.17 | 830.524243 |
| K16092 | 937.157 | 403.767 | 457.968 | 3206.72295 |
| K16137 | 201.934 | 142.137 | 181.484 | 1205.71817 |
| K16147 | 1056.98 | 661.847 | 267.075 | 3447.66017 |
| K16148 | 380.124 | 139.711 | 40.1229 | 1265.94135 |
| K16149 | 163.927 | 77.0517 | 77.2692 | 807.414235 |
| K16165 | 165.2 | 377.348 | 57.7534 | 1286.83287 |
| K16167 | 320.25 | 136.771 | 53.1233 | 1182.62204 |
| K16168 | 97.7469 | 89.6427 | 67.0299 | 666.34358 |
| K16171 | 444.019 | 58.0333 | 59.9552 | 1251.17254 |
| K16191 | 309.75 | 68.403 | 96.7718 | 1113.1599 |
| K16203 | 413.521 | 70.7538 | 137.746 | 1377.90429 |
| K16211 | 247.549 | 145.188 | 175.139 | 1291.17974 |
| K16238 | 397.266 | 119.808 | 99.3515 | 1380.71888 |
| K16264 | 703.519 | 635.711 | 646.326 | 3405.08569 |
| K16267 | 137.622 | 85.1506 | 45.8415 | 701.216902 |
| K16291 | 199.35 | 106.937 | 89.4521 | 967.220693 |
| K16299 | 114.042 | 97.7679 | 58.2303 | 702.11033 |
| K16329 | 260.06 | 126.641 | 76.5733 | 1100.04362 |
| K16330 | 2.83362 | 37.4551 | 444.934 | 876.644745 |
| K16363 | 60.7716 | 48.3819 | 215.911 | 750.698411 |
| K16422 | 310.783 | 152.899 | 206.632 | 1476.16117 |
| K16422 | 310.783 | 152.899 | 206.632 | 1476.16117 |
| K16504 | 2.33645 | 0 | 814.607 | 1179.85709 |
| K16506 | 134.123 | 197.63 | 9.33065 | 816.106549 |
| K16554 | 1145.57 | 467.779 | 398.449 | 3493.88132 |
| K16588 | 306.122 | 4.60829 | 0 | 714.877736 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K16593 | 235.9 | 134.19 | 86.3974 | 1087.50116 |
| K16628 | 236.819 | 50.7267 | 5.00201 | 724.678574 |
| K16669 | 98.7574 | 215.249 | 4.52489 | 751.638413 |
| K16692 | 135.173 | 119.414 | 98.427 | 874.111566 |
| K16698 | 340.416 | 58.2175 | 106.327 | 1164.28022 |
| K16726 | 211.198 | 179.35 | 225.536 | 1363.44198 |
| K16732 | 308.757 | 10.4712 | 14.3438 | 784.112261 |
| K16785 | 145.848 | 51.8393 | 127.943 | 808.924851 |
| K16785 | 145.848 | 51.8393 | 127.943 | 808.924851 |
| K16786 | 60.4806 | 1851.01 | 58.9801 | 2570.84656 |
| K16786 | 60.4806 | 1851.01 | 58.9801 | 2570.84656 |
| K16808 | 53.0476 | 5.42356 | 336.752 | 794.203485 |
| K16843 | 11.4562 | 0 | 389.55 | 726.551998 |
| K16870 | 227.824 | 100.782 | 38.5212 | 903.812728 |
| K16871 | 345.052 | 71.1838 | 32.2679 | 1046.43235 |
| K16874 | 184.225 | 49.8967 | 43.0118 | 715.614936 |
| K16881 | 395.622 | 272.939 | 195.055 | 1815.23956 |
| K16898 | 875.8 | 473.754 | 471.997 | 3238.02735 |
| K16899 | 729.662 | 311.391 | 171.864 | 2367.35594 |
| K16922 | 171.959 | 219.075 | 112.099 | 1160.25902 |
| K16937 | 236.928 | 359.121 | 22.2357 | 1322.8188 |
| K17103 | 1130.92 | 322.863 | 407.678 | 3277.45461 |
| K17218 | 411.53 | 157.689 | 82.6784 | 1444.74819 |
| K17222 | 187.001 | 42.8548 | 28.8855 | 671.268088 |
| K17225 | 198.463 | 115.443 | 258.279 | 1267.82656 |
| K17247 | 399.403 | 135.963 | 179.467 | 1557.83537 |
| K17285 | 1079.78 | 268.451 | 177.559 | 2790.65139 |
| K17286 | 372.525 | 292.399 | 431.773 | 2143.7198 |
| K17315 | 119.239 | 116.775 | 31.7401 | 692.100943 |
| K17316 | 246.434 | 21.0537 | 11.3907 | 688.425539 |
| K17317 | 186.461 | 74.9552 | 55.419 | 804.170089 |
| K17318 | 170.869 | 79.7387 | 21.9434 | 703.770931 |
| K17382 | 299.394 | 136.814 | 105.139 | 1249.54575 |
| K17592 | 205.531 | 216.64 | 52.1136 | 1104.61368 |
| K17662 | 162.267 | 74.3803 | 24.3024 | 680.099312 |
| K17675 | 428.458 | 294.001 | 111.713 | 1760.67436 |
| K17686 | 3708.73 | 2928.03 | 1581.6 | 9203.18833 |
| K17713 | 390.843 | 733.612 | 136.843 | 2333.38387 |
| K17723 | 268.467 | 74.4367 | 106.636 | 1068.01157 |
| K17725 | 421.33 | 439.805 | 129.33 | 1996.72799 |
| K17732 | 445.25 | 173.431 | 78.2649 | 1521.84735 |
| K17734 | 781.648 | 943.118 | 413.61 | 3594.62743 |
| K17752 | 286.511 | 118.193 | 50.1703 | 1077.79408 |
| K17758 | 132.819 | 63.7348 | 55.6222 | 665.73307 |
| K17758 | 132.819 | 63.7348 | 55.6222 | 665.73307 |
| K17760 | 439.67 | 326.655 | 114.325 | 1835.14249 |
| K17762 | 285.029 | 67.1883 | 40.4517 | 946.938672 |
| K17763 | 416.419 | 175.008 | 145.097 | 1600.86269 |
| K17828 | 559.352 | 307.05 | 449.364 | 2499.86924 |

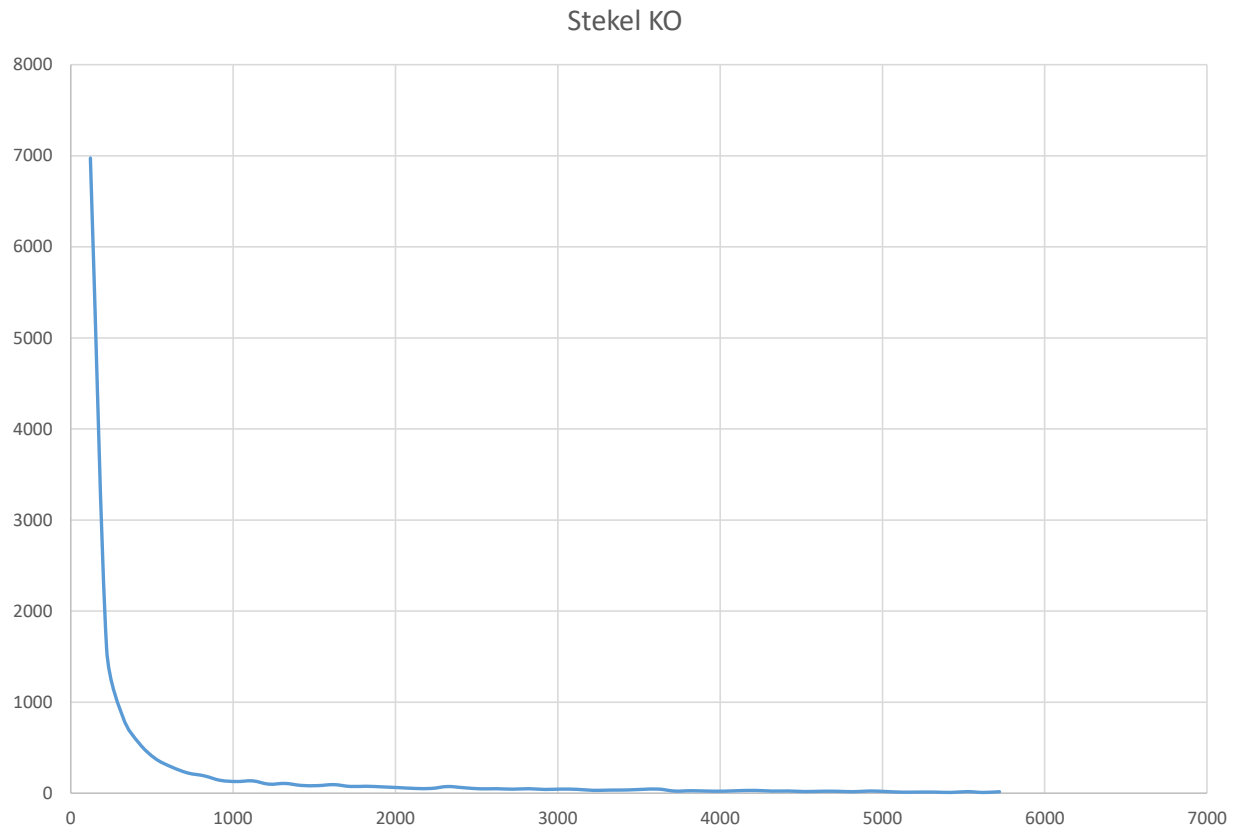
| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K17836 | 1040.84 | 351.857 | 279.585 | 3028.19649 |
| K17837 | 508.291 | 238.877 | 241.589 | 2021.58625 |
| K17947 | 578.687 | 178.191 | 154.89 | 1888.82069 |
| K18020 | 236.445 | 96.5907 | 40.9147 | 917.694745 |
| K18138 | 21911.3 | 1421.1 | 1837.28 | 13141.214 |
| K18139 | 819.563 | 604.816 | 251.618 | 3031.23668 |
| K18199 | 141.511 | 58.0564 | 80.7965 | 724.355857 |
| K18204 | 352.168 | 472.855 | 124.011 | 1912.2968 |
| K18222 | 177.279 | 57.887 | 89.8383 | 817.997864 |
| K18235 | 868.265 | 569.593 | 226.893 | 3016.78911 |
| K18244 | 676.476 | 149.517 | 86.7486 | 1861.10366 |
| K18258 | 381.215 | 99.7858 | 84.5886 | 1283.93086 |
| K18285 | 455.332 | 184.773 | 300.684 | 1928.90534 |
| K18299 | 401.65 | 440.293 | 79.9012 | 1869.89329 |
| K18334 | 694.97 | 276.957 | 149.879 | 2224.40543 |
| K18336 | 556.697 | 0 | 22.4852 | 1190.83318 |
| K18361 | 1589.06 | 0 | 0 | 2483.0991 |
| K18369 | 274.57 | 39.8423 | 681.557 | 1784.35133 |
| K18455 | 172.156 | 87.7611 | 76.4899 | 845.926522 |
| K18478 | 168.822 | 51.9868 | 45.7868 | 694.700531 |
| K18587 | 215.928 | 32.6775 | 138.502 | 926.827995 |
| K18588 | 198.734 | 125.03 | 97.8372 | 1018.04357 |
| K18622 | 727.099 | 423.784 | 140.361 | 2475.62879 |
| K18625 | 902.526 | 111.072 | 20.7425 | 1964.9214 |
| K18626 | 178.138 | 35.0158 | 43.6466 | 668.487145 |
| K18643 | 1158.38 | 75.7107 | 51.536 | 2301.5871 |
| K18652 | 148.516 | 92.5649 | 20.318 | 679.063265 |
| K18660 | 238.043 | 40.3058 | 0 | 683.968353 |
| K18661 | 303.2 | 156.721 | 312.613 | 1628.36337 |
| K18672 | 271.705 | 131.974 | 69.3408 | 1117.69933 |
| K18682 | 755.168 | 412.169 | 429.876 | 2927.90789 |
| K18687 | 139.072 | 85.0902 | 81.1978 | 779.050292 |
| K18688 | 119.602 | 227.269 | 87.2439 | 1013.02496 |
| K18691 | 147.482 | 152.594 | 114.544 | 994.701098 |
| K18702 | 830.853 | 451.51 | 208.064 | 2777.05271 |
| K18703 | 3255.91 | 892.655 | 1069.6 | 6844.9022 |
| K18707 | 555.99 | 174.193 | 455.28 | 2280.53782 |
| K18778 | 815.196 | 15.0407 | 3.3557 | 1572.5991 |
| K18802 | 89.2167 | 144.426 | 40.8696 | 697.439979 |
| K18827 | 346.922 | 32.8527 | 33.5327 | 963.246243 |
| K18828 | 260.722 | 34.7347 | 29.7305 | 799.479359 |
| K18831 | 144.808 | 37.8689 | 263.74 | 994.53587 |
| K18850 | 332.197 | 81.4957 | 24.9322 | 1027.54491 |
| K18889 | 502.873 | 332.397 | 326.789 | 2285.77696 |
| K18890 | 1185.4 | 406.506 | 504.112 | 3591.29482 |
| K18893 | 544.926 | 79.8866 | 163.539 | 1659.29282 |
| K18899 | 34.0192 | 427.527 | 5.44465 | 918.745321 |
| K18901 | 244.669 | 53.7712 | 72.9967 | 910.082529 |
| K18902 | 188.423 | 134.819 | 131.211 | 1077.77446 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K18910 | 142.381 | 133.656 | 13.0028 | 727.889277 |
| K18911 | 164.729 | 257.209 | 215.465 | 1384.88771 |
| K18912 | 415.502 | 182.496 | 205.579 | 1713.7482 |
| K18928 | 348.357 | 174.945 | 257.536 | 1663.3216 |
| K18929 | 501.101 | 291.531 | 130.05 | 1911.12808 |
| K18955 | 494.611 | 260.313 | 48.0606 | 1688.25254 |
| K18967 | 737.378 | 318.351 | 586.054 | 2951.75523 |
| K18979 | 783.542 | 360.199 | 218.028 | 2594.49924 |
| K18980 | 201.677 | 155.572 | 134.815 | 1150.28493 |
| K18981 | 196.077 | 79.6716 | 40.4823 | 800.663316 |
| K18983 | 324.949 | 77.5146 | 157.847 | 1271.45979 |
| K18997 | 299.828 | 65.9168 | 9.84252 | 893.873839 |
| K19055 | 214.33 | 420.877 | 35.575 | 1400.57408 |
| K19191 | 777.46 | 355.624 | 118.896 | 2411.18124 |
| K19221 | 166.229 | 159.603 | 63.7244 | 947.638087 |
| K19225 | 211.589 | 159.524 | 95.768 | 1105.19937 |
| K19231 | 147.48 | 146.668 | 49.5216 | 852.910009 |
| K19244 | 121.137 | 104.344 | 34.3206 | 677.696448 |
| K19265 | 435.647 | 307.918 | 122.531 | 1814.56616 |
| K19267 | 124.76 | 46.6487 | 162.388 | 810.694493 |
| K19294 | 172.953 | 75.3606 | 67.7064 | 803.115562 |
| K19302 | 727.56 | 327.965 | 215.706 | 2461.04868 |
| K19303 | 310.497 | 43.8942 | 63.4279 | 991.158033 |
| K19304 | 482.099 | 65.6064 | 1235.06 | 2727.60619 |
| K19355 | 67.3221 | 420.549 | 36.8018 | 1079.23155 |
| K19365 | 2.30415 | 889.328 | 0 | 1368.78016 |
| K19416 | 230.2 | 35.9702 | 59.494 | 810.957362 |
| K19421 | 337.617 | 395.458 | 766.044 | 2618.33247 |
| K19425 | 236.521 | 58.2164 | 33.3504 | 817.295584 |
| K19428 | 266.267 | 221.42 | 71.619 | 1273.07272 |
| K19539 | 9859.42 | 0 | 4.28788 | 7606.79615 |
| K19548 | 173.993 | 150.582 | 105.619 | 1030.56318 |
| K19577 | 335.748 | 96.3314 | 61.3386 | 1148.43895 |
| K19585 | 243.568 | 61.2583 | 140.934 | 1053.48751 |
| K19588 | 291.046 | 65.7895 | 0 | 844.256851 |
| K19591 | 310.79 | 62.195 | 85.6852 | 1079.59408 |
| K19689 | 1088.41 | 287.545 | 159.982 | 2802.72139 |
| K19707 | 300.79 | 85.4336 | 484.274 | 1709.57866 |
| K19710 | 714.918 | 162.447 | 179.548 | 2108.96603 |
| K19721 | 563.314 | 96.1112 | 56.5971 | 1520.46743 |
| K19745 | 337.356 | 110.349 | 18.4164 | 1079.55847 |
| K19746 | 210.393 | 132.979 | 51.8817 | 962.948505 |
| K19760 | 608.25 | 450.249 | 660.442 | 3033.50728 |
| K19784 | 700.72 | 329.308 | 809.91 | 3154.18285 |
| K19791 | 5356.4 | 2.17391 | 53.2528 | 5691.8189 |
| K19802 | 469.543 | 280.333 | 192.469 | 1948.08847 |
| K19804 | 137.231 | 99.1489 | 71.3773 | 784.303607 |
| K20032 | 91.9827 | 121.065 | 98.5299 | 779.212522 |
| K20034 | 845.065 | 247.162 | 77.3386 | 2257.43379 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K20035 | 388.3 | 102.982 | 323.414 | 1692.24234 |
| K20074 | 2921.06 | 1023.03 | 765.278 | 6412.37618 |
| K20225 | 388.265 | 17.601 | 1.03093 | 905.674601 |
| K20265 | 257.83 | 61.4222 | 41.1534 | 884.101055 |
| K20276 | 1999.28 | 691.177 | 648.638 | 5051.78337 |
| K20332 | 562.092 | 0 | 2.89017 | 1143.25818 |
| K20353 | 261.752 | 98.7264 | 37.9383 | 964.10892 |
| K20444 | 479.236 | 291.162 | 193.076 | 1982.2826 |
| K20459 | 266.851 | 23.299 | 179.516 | 1071.8669 |
| K20465 | 377.952 | 3.03951 | 13.3303 | 881.414227 |
| K20478 | 187.4 | 226.978 | 112.443 | 1206.33011 |
| K20497 | 337.643 | 154.19 | 27.9142 | 1188.60854 |
| K20523 | 1841.98 | 48.6191 | 56.7418 | 3042.93096 |
| K20530 | 234.379 | 54.9092 | 23.7379 | 781.892034 |
| K20533 | 281.535 | 12.6323 | 0 | 694.174259 |
| K20534 | 1628.05 | 639.771 | 633.847 | 4574.90947 |
| K20543 | 352.172 | 80.9831 | 32.9456 | 1081.96372 |
| K20757 | 61.7384 | 46.932 | 299.762 | 875.756955 |
| K20807 | 443.722 | 87.7841 | 85.0523 | 1367.16733 |
| K20810 | 94.6719 | 138.112 | 79.786 | 781.666724 |
| K20814 | 341.983 | 124.984 | 56.6843 | 1206.98801 |
| K20862 | 175.302 | 44.7474 | 46.7835 | 693.435031 |
| K20929 | 156.815 | 81.9035 | 34.483 | 709.583677 |
| K21029 | 397.688 | 509.375 | 139.981 | 2070.19355 |
| K21062 | 208.49 | 90.5877 | 77.2652 | 927.919599 |
| K21071 | 1287.24 | 592.308 | 489.84 | 3950.15466 |
| K21084 | 666.279 | 455.795 | 188.402 | 2511.58954 |
| K21085 | 120.766 | 11.9268 | 267.869 | 878.412194 |
| K21105 | 125.976 | 56.2867 | 148.486 | 811.953999 |
| K21134 | 215.893 | 78.1368 | 26.9461 | 804.997116 |
| K21140 | 778.173 | 67.9871 | 15.5009 | 1685.98139 |
| K21142 | 226.999 | 83.1164 | 52.2281 | 896.388054 |
| K21147 | 1332.84 | 504.729 | 948.22 | 4378.6297 |
| K21148 | 170.475 | 105.831 | 48.0459 | 819.220072 |
| K21159 | 479.731 | 169.363 | 104.859 | 1623.80102 |
| K21270 | 264.192 | 18.8484 | 3.25945 | 691.534445 |
| K21303 | 2547.16 | 41.6766 | 87.9609 | 3788.67791 |
| K21307 | 120.006 | 408.344 | 45.0194 | 1205.28252 |
| K21310 | 436.218 | 266.392 | 114.437 | 1734.83944 |
| K21393 | 975.633 | 403.874 | 332.109 | 3092.93915 |
| K21395 | 665.743 | 333.558 | 156.942 | 2281.06374 |
| K21397 | 49.7236 | 180.046 | 84.9945 | 757.924536 |
| K21401 | 338.8 | 113.022 | 121.635 | 1305.83614 |
| K21405 | 184.78 | 58.7 | 53.1197 | 759.634358 |
| K21416 | 515.986 | 274.904 | 331.393 | 2223.74185 |
| K21417 | 902.572 | 392.543 | 336.419 | 2983.44538 |
| K21420 | 360.948 | 177.988 | 171.844 | 1555.49853 |
| K21430 | 3098.05 | 1634.77 | 835.4 | 7198.33945 |
| K21440 | 135.192 | 323.264 | 28.9415 | 1075.36788 |

| KO | Control | aBss4 | aBss18 | Stekel |
|--------|---------|---------|---------|------------|
| K21449 | 607.485 | 479.046 | 204.083 | 2479.21426 |
| K21464 | 147.153 | 86.8181 | 57.0409 | 750.133067 |
| K21469 | 87.1044 | 133.58 | 73.3055 | 741.923336 |
| K21470 | 2080.18 | 646.706 | 415.959 | 4803.33026 |
| K21471 | 541.981 | 327.917 | 55.2997 | 1887.15028 |
| K21472 | 734.495 | 170.647 | 173.846 | 2143.16793 |
| K21498 | 391.054 | 121.937 | 126.108 | 1423.92648 |
| K21567 | 176.877 | 146.866 | 237.845 | 1252.93307 |
| K21572 | 2728.76 | 1624.16 | 1327.2 | 7303.86591 |
| K21573 | 397.31 | 176.034 | 377.783 | 1921.27115 |
| K21575 | 246.573 | 99.7873 | 163.411 | 1180.69588 |
| K21600 | 605.198 | 127.994 | 171.376 | 1864.79077 |
| K21613 | 323.946 | 132.572 | 219.301 | 1481.90844 |
| K21620 | 156.817 | 0 | 674.699 | 1426.69218 |
| K21672 | 263.82 | 116.327 | 58.2674 | 1048.8669 |
| K21698 | 173.949 | 57.659 | 49.9723 | 727.855089 |
| K21703 | 361.327 | 110.285 | 68.4688 | 1237.44012 |
| K21852 | 276.037 | 52.2317 | 4.31034 | 801.277065 |
| K21883 | 414.326 | 142.778 | 57.6139 | 1369.86483 |
| K21929 | 2174.6 | 916.131 | 1673.43 | 6369.02934 |
| K22003 | 378.996 | 277.021 | 111.045 | 1647.22693 |
| K22010 | 263.431 | 198.186 | 84.9419 | 1254.58563 |
| K22016 | 2.79851 | 5316.01 | 0 | 4005.41626 |
| K22024 | 465.518 | 274.179 | 99.3838 | 1768.11709 |
| K22025 | 366.828 | 96.6561 | 980.577 | 2376.50095 |
| K22027 | 438.777 | 203.137 | 51.2496 | 1506.62135 |
| K22044 | 334.961 | 347.498 | 102.818 | 1662.63858 |
| K22074 | 211.153 | 67.2845 | 96.4454 | 921.110278 |

Anexo 9. Gráfico Stekel datos KEGG perteneciente al anexo 10.



Anexo 10. Abundancia relativa para la enzima 3-fitasa (K01083).

| | Control | aBss4 | aBss8/18 |
|---------------------|------------|-------------|-------------|
| Actinobacteria | 0,00442312 | 0,001506441 | 0,000340574 |
| Alphaproteobacteria | 0,00533138 | 0,001481477 | 0,016427701 |
| Bacteroidetes | 1,4251E-05 | 0,009373186 | 0,000124483 |
| Betaproteobacteria | 0,00477885 | 0,010118559 | 0,005948634 |
| Cyanobacteria | 0,00985789 | 0,014705316 | 0,02775197 |
| Deltaproteobacteria | 0,00413796 | 0,014024527 | 0,053320284 |
| Firmicutes | 0,00174499 | 0,000960482 | 0,002789072 |
| Gammaproteobacteria | 0,00198983 | 0,012377879 | 0,001639436 |
| Otros | 0,00538492 | 0,000384152 | 0,002566337 |

Anexo 11. Abundancia relativa a nivel de Filo sobre subcategorías KEGG.

| | Otros | Sacchari bacteria | Gemmatimo nadetes | Gamma proteo bacteria | Firmicutes | Dictyoglomi | Delta proteo bacteria | Cyano bacteria | Chloroflexi | Beta proteo bacteria | Bacteroidetes | Alfa proteo bacteria | Actino bacteria | Acido bacteria | |
|---------------------|------------|----------------------|----------------------|--------------------------|------------|-------------|--------------------------|-------------------|-------------|-------------------------|---------------|-------------------------|--------------------|-------------------|------------|
| Carbono | Control | 29.7893522 | 0 | 0 | 11.1477285 | 0 | 0 | 5.06270901 | 0 | 0 | 7.87206991 | 5.7498265 | 18.7189016 | 15.1152786 | 6.54413368 |
| | aBss4 | 28.1697586 | 0 | 0 | 7.41397625 | 5.48520317 | 6.89759814 | 0 | 0 | 0 | 6.9107174 | 5.03871408 | 15.3726432 | 16.4875395 | 8.22384969 |
| | ABss8/18 | 32.7805247 | 0 | 0 | 8.64634145 | 5.9540359 | 0 | 0 | 0 | 0 | 9.57868976 | 7.95491736 | 14.9548525 | 9.22241724 | 10.9082211 |
| Energía | Control | 31.7629058 | 0 | 6.39827349 | 9.45134474 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 9.02734108 | 6.76472664 | 17.2691233 | 13.7940149 | 5.53227004 |
| | aBss4 | 37.5501366 | 0 | 0 | 6.5639822 | 0 | 10.4292748 | 0 | 0 | 0 | 6.65340476 | 0 | 18.3632757 | 12.9793949 | 7.46053106 |
| | ABss8/18 | 30.386299 | 0 | 5.30144276 | 7.24534161 | 7.59713503 | 0 | 0 | 0 | 0 | 7.9631356 | 9.2783462 | 13.7884902 | 8.78980783 | 9.65000174 |
| Lípidos | Control | 37.4293409 | 0 | 0 | 8.51864626 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 9.72447141 | 5.31161415 | 18.3412352 | 15.434233 | 5.24045906 |
| | aBss4 | 25.6107581 | 0 | 0 | 6.52608487 | 7.77142248 | 0 | 6.88721983 | 0 | 0 | 8.59562706 | 0 | 17.5436349 | 19.29785 | 7.76740283 |
| | ABss8/18 | 24.6105513 | 0 | 5.32554729 | 8.72804597 | 6.71772284 | 0 | 0 | 0 | 0 | 11.6976115 | 8.98128755 | 16.1872053 | 9.31505715 | 8.4369711 |
| Nucleótidos | Control | 32.9102909 | 0 | 0 | 7.41117807 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 8.30446685 | 7.45016271 | 21.285667 | 15.7266858 | 6.91154873 |
| | aBss4 | 28.5761314 | 0 | 0 | 7.09068912 | 5.08659764 | 0 | 0 | 0 | 0 | 5.67779695 | 5.66563311 | 21.6192578 | 14.9336499 | 11.3502441 |
| | ABss8/18 | 35.6045004 | 0 | 0 | 10.4678354 | 0 | 0 | 6.79822978 | 0 | 0 | 6.20618865 | 8.61709605 | 12.4746513 | 7.99412155 | 11.8373769 |
| Aminoácidos | Control | 33.0186462 | 0 | 0 | 14.6425911 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 9.01576865 | 5.54824038 | 17.8179558 | 14.2849491 | 5.67184882 |
| | aBss4 | 31.6663216 | 0 | 0 | 8.797937 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 7.28853737 | 5.90876677 | 17.3962716 | 20.851795 | 8.09037075 |
| | ABss8/18 | 26.2207659 | 0 | 0 | 9.75412175 | 6.48276193 | 0 | 5.4676036 | 0 | 0 | 8.8935403 | 7.31998126 | 15.0976872 | 10.8140702 | 9.94946784 |
| Terpenoides | Control | 22.1474491 | 0 | 0 | 11.1385179 | 5.01744582 | 0 | 5.5010302 | 5.89347714 | 0 | 9.27391587 | 0 | 18.4221996 | 17.0731312 | 5.53283322 |
| | aBss4 | 15.6917889 | 0 | 0 | 6.72080851 | 6.12217622 | 0 | 5.51149906 | 6.50930334 | 0 | 7.42288497 | 0 | 17.2047359 | 29.4973592 | 5.31944396 |
| | ABss8/18 | 22.5106731 | 0 | 5.28000765 | 9.8277089 | 6.82062599 | 0 | 11.6972515 | 6.584843 | 0 | 6.44681695 | 0 | 16.6727396 | 7.91228655 | 6.24704678 |
| Biosíntesis | Control | 36.4466268 | 0 | 0 | 10.3974521 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 9.7877856 | 0 | 21.443569 | 15.8613754 | 6.06319101 |
| | aBss4 | 35.0626086 | 0 | 0 | 10.1638342 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 6.0366001 | 5.07737798 | 20.7934137 | 15.5734486 | 7.29271679 |
| | ABss8/18 | 30.2659602 | 0 | 0 | 9.98750505 | 0 | 0 | 8.18770723 | 0 | 0 | 8.72859112 | 7.95262705 | 12.8821241 | 10.3623309 | 11.6331543 |
| Xenobióticos | Control | 24.236382 | 0 | 0 | 8.18620193 | 0 | 0 | 8.03979507 | 0 | 0 | 10.9889167 | 7.5981031 | 25.2810869 | 15.6695144 | 0 |
| | aBss4 | 23.5042734 | 0 | 0 | 6.34757833 | 0 | 0 | 5.2686664 | 0 | 0 | 11.6959996 | 0 | 24.6683458 | 18.0750624 | 10.4400741 |
| | ABss8/18 | 22.8025521 | 0 | 0 | 6.87950027 | 5.41959563 | 0 | 0 | 0 | 0 | 12.0383041 | 5.06641346 | 21.6419952 | 16.8507912 | 9.300848 |
| Planta- Patógeno | Control | 18.9785701 | 0 | 0 | 64.5595635 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 8.71655826 | 0 | 7.74530819 | 0 | 0 |
| | aBss4 | 19.1891232 | 0 | 0 | 15.0406182 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 11.7976248 | 5.48567318 | 24.2549422 | 14.3685991 | 9.86341934 |
| | ABss8/18 | 31.4855048 | 0 | 0 | 34.4515056 | 6.12614252 | 0 | 0 | 0 | 0 | 16.7047356 | 0 | 11.2321114 | 0 | 0 |
| Quorum- sensing | Control | 28.6663704 | 0 | 0 | 11.3871886 | 0 | 0 | 5.17686491 | 0 | 0 | 12.72366 | 0 | 29.5653657 | 12.4805504 | 0 |
| | aBss4 | 18.8289656 | 0 | 0 | 14.3040573 | 15.7192689 | 0 | 0 | 0 | 11.9725405 | 11.9583594 | 0 | 16.9976662 | 10.2191421 | 0 |
| | ABss8/18 | 30.753067 | 0 | 0 | 20.1206578 | 0 | 0 | 6.98645932 | 0 | 0 | 8.87746183 | 8.83885407 | 13.9725991 | 10.4509009 | 0 |
| Control | 28.8404902 | 0 | 0 | 16.3517187 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 12.6116011 | 0 | 19.2177738 | 10.681843 | 12.2965733 |

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|------------|----------|------------|------------|------------|------------|---|---|------------|---|---|------------|-----------|------------|------------|------------|
| Secreción | aBss4 | 21.3884037 | 0 | 15.5226876 | 17.0499098 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 9.64171906 | 0 | 17.5644198 | 8.00937282 | 10.8234873 |
| bacteriana | ABss8/18 | 24.6870161 | 10.4523657 | 0 | 14.0002195 | 0 | 0 | 8.33541075 | 0 | 0 | 8.99262517 | 7.8791211 | 9.3447265 | 6.32396205 | 9.98455319 |

Comandos utilizados en el análisis de datos

A.1. Análisis de calidad y filtrado de las secuencias

A.1.1 PRINseq

```
##### COMANDOS #####
```

```
prinseq-lite.pl -fastq 04R1.fastq -fastq2 04R2.fastq -trim_qual_right 20 -min_qual_mean 20 -min_len 50 -  
out_good 04R1.good.out 04R2.good.out -out_bad 04R1.bad.out 04R2.bad.out
```

```
prinseq-lite.pl -fastq 18R1.fastq -fastq2 18R2.fastq -trim_qual_right 20 -min_qual_mean 20 -min_len 50 -  
out_good 18R1.good.out 18R2.good.out -out_bad 18R1.bad.out 18R2.bad.out
```

```
prinseq-lite.pl -fastq CR1.fastq -fastq2 CR2.fastq -trim_qual_right 20 -min_qual_mean 20 -min_len 50 -  
out_good CR1.good.out CR2.good.out -out_bad CR1.bad.out CR2.bad.out
```

A.1.2 Fast Join

```
##### COMANDOS #####
```

```
join_paired_ends.py -f CR1.good.out_1.fastq -r CR1.good.out_2.fastq -o CR1.join.fastq
```

```
join_paired_ends.py -f 04R1.good.out_1.fastq -r 04R1.good.out_2.fastq -o 04R1.join.fastq
```

```
join_paired_ends.py -f 18R1.good.out_1.fastq -r 18R1.good.out_2.fastq -o 18R1.join.fastq
```

A.1.3 Cat Join

```
cat file.join.fastq file.unjoin1.fastq file.unjoin2.fastq > file.clean_join.fastq
```

A.2. Alineamiento con BOWTIE2

Bowtie2

```
##### COMANDOS #####
```

```
bowtie2-build -f MaizGenome.fna,Genome2.fna,arthropoda.fna genome
```

```
bowtie2 -x genome --un unmappedM4.fastq -fa -U 04R1.join.fastq.fasta -S M4.sam
```

#El comando “*—un*” crea un archivo de las lecturas que no mapean contra esas BD y es el archivo que necesitamos.

A.3. Alineamiento y asignación taxonómica

A.3.1 Alineamiento con Blastn

```
##### COMANDOS #####
```

```
blastn -db /$PATH -max_target_seqs 1 -outfmt 6 -best_hit_score_edge 0.00001 -num_threads 24
```

A.3.2 Asignación taxonómica blast2lca

Software blast2lca/0.8

```
##### COMANDOS #####
```

```
blast2lca -savemem -dict /$PATH -nodes /$PATH -names /$PATH
```

```
-levels=superkingdom:phylum:class:order:family:genus:species MC > MC2.fasta
```

A.4. Análisis de la diversidad microbiana mediante 16S (SingleM)

A.4.1 SingleM

```
##### COMANDOS #####
```

```
#el for no lo agarró así que se hace manual para cada tratamiento.
```

```
for file in *fasta; do singlem pipe --sequences $file --otu_table $file.csv --threads 24 ;done
```

```
for file in *.csv; do singlem summarise --input_otu_table $file --cluster --clustered_output_otu_table $file.csv
```

A.5. Curvas de rarefacción

```
Software /qiime/1.9.0
```

```
biom convert -i otusmega.txt -o OTUsrpIN.biom --table-type="OTU table" --to-hdf5 --process-obs-metadata taxonomy
```

```
filter_otus_from_otu_table.py -i OTUsrpIN.biom -o OTUssingletons.biom --min_count_fraction 0.01
```

```
multiple_rarefactions.py -i OTUssingletons.biom -o /$PATH -x 7000 -m 100 -s 10 -n 5 --lineages_included
```

```
alpha_diversity.py -i /$PATH -o /$PATH -m observed_otus,shannon,chao1,simpson
```

```
collate_alpha.py -i /$PATH -o /$PATH
```

```
make_rarefaction_plots.py -i /$PATH -m /$PATH -o /$PATH
```

A.6. Contrucción de Heatmaps

HEATMAP

```
library(vegan)
```

```
library(RColorBrewer)
```

```
library (ape)
```

```
library (gplots)
```

```
#####
```

```
### B) Reading in data and transform it into matrix format
```

```
#####
```

```
matriz <- read.table("FAMILIA10.1.csv",sep=",", header=TRUE, row.names=1)
```

```
matrizm <- as.matrix(matriz)
```

```
matriz_clus <-t(matrizm)
```

```
#####
```

```
### D) Dendograma samples
```

```
#####
```

```
pdf("taxa_abundance_species.pdf")
```

```
cluster.phy <- hclust(vegdist(matriz_clus, method="bray"))
```

```
cluster_dnd.phy <- as.dendrogram(cluster.phy)
```

```
plot(cluster.phy)
```

```
dev.off()
```

```
#####
```

```
### D) Customizing and plotting the heat map
```

```
#####
```

```
quantile(matrizm)
```

```
my_palette <- colorRampPalette(c("wheat", "orange", "red", "firebrick", "black"))(n = 5)
```

```
svg("Relative abundance.svg", width=18, height=23)
```

```
par(mar=c(0.5,0.5,0.5,0.5))
```

```
heatmap.2(matrizm, Rowv=FALSE, Colv=cluster_dnd.phy, breaks=c( 0.09480463, 0.27840440,  
0.48574877, 1.12318285, 5, 18.11529693), col =my_palette, dendrogram = c("col"),
```

```
key=FALSE,trace="none",sepwidth=c(0.01, 0.01), sepcolor="white", colsep=1:ncol(matrizm),
```

```
rowsep=165:nrow(matrizm),lhei = c(0.1,0.8),lwid = c(0.2,8),
```

```
cexRow=1.8,cexCol=3,srtCol=0,
  margins=c(10,30))
legend("bottom", c("<0.25%", "0.27-0.48%", "0.5-1.1","1.12-4.99%", "5-19%"), bty="n",
hor=TRUE, fill= my_palette, cex=2.5)
dev.off()
```

A.7. Ensamble de los metagenomas

A.7.1 Ray-assembler

Software /Ray/2.3.1

```
for file in *fastq; do mpiexec -n 40 Ray -k 31 -minimum-contig-length 300 -s $file -o $file.out; done
```

A.7.2 MEGAHIT

```
megahit --12 CR1.join.fastq -o megahit_COntrol --k-min 31 --k-max 31 --min-contig-len 500
```

A.8. Resumen de los taxones

A.8.1 MetaPhlan2

```
export2graphlan.py --skip_rows 1,2 -i aBss8.txt --tree merged_abundance.tree.txt --annotation
merged_abundance.annot.txt --most_abundant 250 --abundance_threshold 1 --least_biomarkers 15
--external_annotations 5,6 --min_clade_size 1 --max_clade_size 400 --max_font_size 11 --ftop 200
graphlan_annotate.py --annot merged_abundance.annot.txt merged_abundance.tree.txt
merged_abundance.xml
graphlan.py --dpi 400 merged_abundanceAB18.xml merged_abundance.svg --external_legends --size 8
```

A.8.2 Histogramas

```
library(RColorBrewer)
```

```
library(ggplot2)
```

```
colors1 <- colorRampPalette(c("gray47", "gray53"))(1)
colors2 <- colorRampPalette(c("coral", "coral1"))(1)
colors3 <- colorRampPalette(c("chocolate", "chocolate1"))(1)
colors4 <- colorRampPalette(c("blueviolet", "blueviolet"))(1)
colors5 <- colorRampPalette(c("orchid", "orchid2"))(1)
colors6 <- colorRampPalette(c("navyblue", "navyblue"))(1)
colors7 <- colorRampPalette(c("indianred", "indianred4"))(1)
colors8 <- colorRampPalette(c("seagreen", "seagreen4"))(1)
colors9 <- colorRampPalette(c("snow", "snow3"))(1)
colors10 <- colorRampPalette(c("magenta", "magenta4"))(1)
colors11 <- colorRampPalette(c("greenyellow", "greenyellow"))(1)
colors12 <- colorRampPalette(c("lightblue", "lightblue1"))(1)
colors13 <- colorRampPalette(c("purple", "purple"))(1)
colors14 <- colorRampPalette(c("chartreuse", "chartreuse1"))(1)
colors15 <- colorRampPalette(c("paleturquoise", "paleturquoise"))(1)
colors16 <- colorRampPalette(c("hotpink", "hotpink2"))(1)
colors17 <- colorRampPalette(c("yellow", "yellow1"))(1)
colors19 <- colorRampPalette(c("cadetblue", "cadetblue2"))(1)
colors20 <- colorRampPalette(c("sandybrown", "sandybrown"))(1)
colors21 <- colorRampPalette(c("darkolivegreen", "darkolivegreen1"))(1)
colors22 <- colorRampPalette(c("dimgray", "dimgray"))(1)
colors23 <- colorRampPalette(c("darkmagenta", "darkmagenta"))(1)
colors24 <- colorRampPalette(c("gold", "gold3"))(1)
colors25 <- colorRampPalette(c("aquamarine", "aquamarine4"))(1)
colors26 <- colorRampPalette(c("lightcyan2", "lightcyan3"))(1)
colors27 <- colorRampPalette(c("darkgoldenrod", "darkgoldenrod4"))(1)
colors28 <- colorRampPalette(c("khaki2", "khaki3"))(1)
colors29 <- colorRampPalette(c("purple", "purple4"))(1)
colors30 <- colorRampPalette(c("darkorange", "darkorange1"))(1)
colors31 <- colorRampPalette(c("lightskyblue", "lightskyblue"))(1)
colors32 <- colorRampPalette(c("orange", "orange4"))(1)
colors33 <- colorRampPalette(c("gray0", "gray2"))(1)
colors34 <- colorRampPalette(c("green", "green1"))(1)
colors35 <- colorRampPalette(c("lightgreen", "darkgreen"))(1)
colors36 <- colorRampPalette(c("deeppink", "deeppink1"))(1)
colors37 <- colorRampPalette(c("lemonchiffon", "lemonchiffon2"))(1)
colors38 <- colorRampPalette(c("lightskyblue", "lightskyblue2"))(1)
colors39 <- colorRampPalette(c("lightblue", "darkblue"))(1)
colors40 <- colorRampPalette(c("coral1", "coral1"))(1)
colors41 <- colorRampPalette(c("burlywood", "burlywood1"))(1)
colors42 <- colorRampPalette(c("maroon1", "maroon1"))(1)
colors43 <- colorRampPalette(c("firebrick", "firebrick4"))(1)
colors44 <- colorRampPalette(c("tomato2", "tomato2"))(1)
colors45 <- colorRampPalette(c("darkslategray", "darkslategray4"))(1)
colors46 <- colorRampPalette(c("peachpuff", "peachpuff4"))(1)
colors47 <- colorRampPalette(c("palevioletred", "palevioletred"))(1)
colors48 <- colorRampPalette(c("lightpink", "lightpink"))(1)
colors49 <- colorRampPalette(c("chocolate", "chocolate4"))(1)
colors50 <- colorRampPalette(c("bisque", "bisque4"))(1)
```

```

colors51 <- colorRampPalette(c("deeppink", "deeppink"))(1)
colors52 <- colorRampPalette(c("darkslategray2", "darkslategray3"))(1)
colors53 <- colorRampPalette(c("limegreen", "limegreen"))(1)
colors54 <- colorRampPalette(c("darkseagreen", "darkseagreen4"))(1)
colors55 <- colorRampPalette(c("palevioletred", "palevioletred1"))(1)
colors56 <- colorRampPalette(c("darkorchid", "darkorchid"))(1)
colors57 <- colorRampPalette(c("cyan", "cyan4"))(1)
colors58 <- colorRampPalette(c("cornsilk", "cornsilk4"))(1)
colors59 <- colorRampPalette(c("deepskyblue", "deepskyblue4"))(1)
colors60 <- colorRampPalette(c("gold", "goldenrod4"))(1)
colors61 <- colorRampPalette(c("grey", "grey"))(1)
colors62 <- colorRampPalette(c("dodgerblue", "dodgerblue"))(1)
colors63 <- colorRampPalette(c("lightgoldenrod", "lightgoldenrod"))(1)
colors64 <- colorRampPalette(c("lightpink", "lightpink1"))(1)
colors65 <- colorRampPalette(c("mediumpurple", "mediumpurple4"))(1)
colors66 <- colorRampPalette(c("lightsteelblue", "lightsteelblue4"))(1)
colors67 <- colorRampPalette(c("orangered", "orangered"))(1)
colors68 <- colorRampPalette(c("palegreen", "palegreen"))(1)
colors69 <- colorRampPalette(c("slateblue", "slateblue4"))(1)
colors70 <- colorRampPalette(c("yellow", "yellow2"))(1)
colors71 <- colorRampPalette(c("navajowhite", "navajowhite1"))(1)
colors72 <- colorRampPalette(c("slategray", "slategray"))(1)
colors73 <- colorRampPalette(c("sienna", "sienna2"))(1)
colors74 <- colorRampPalette(c("midnightblue", "midnightblue"))(1)
colors75 <- colorRampPalette(c("rosybrown", "rosybrown4"))(1)
colors76 <- colorRampPalette(c("plum", "plum1"))(1)
colors77 <- colorRampPalette(c("wheat", "wheat1"))(1)
colors78 <- colorRampPalette(c("violetred1", "violetred1"))(1)
colors79 <- colorRampPalette(c("linen", "linen"))(1)
colors80 <- colorRampPalette(c("tomato3", "tomato3"))(1)
colors81 <- colorRampPalette(c("turquoise1", "turquoise1"))(1)
colors82 <- colorRampPalette(c("red", "firebrick4"))(1)
colors83 <- colorRampPalette(c("steelblue", "steelblue4"))(1)
colors84 <- colorRampPalette(c("green", "green"))(1)
colors85 <- colorRampPalette(c("darkkhaki", "darkkhaki"))(1)
colors86 <- colorRampPalette(c("deepskyblue", "deepskyblue"))(1)
colors87 <- colorRampPalette(c("lemonchiffon", "lemonchiffon2"))(1)
colors88 <- colorRampPalette(c("lightsalmon", "lightsalmon"))(1)
colors89 <- colorRampPalette(c("chocolate3", "chocolate3"))(1)
colors90 <- colorRampPalette(c("mediumorchid", "mediumorchid"))(1)
colors91 <- colorRampPalette(c("khaki", "khaki3"))(1)
colors92 <- colorRampPalette(c("brown", "brown4"))(1)
colors93 <- colorRampPalette(c("springgreen", "springgreen"))(1)
colors94 <- colorRampPalette(c("tan", "tan4"))(1)
colors95 <- colorRampPalette(c("gray80", "gray83"))(1)
colors96 <- colorRampPalette(c("olivedrab1", "olivedrab1"))(1)
colors97 <- colorRampPalette(c("olivedrab1", "olivedrab2"))(1)
colors98 <- colorRampPalette(c("pink1", "pink3"))(1)
colors99 <- colorRampPalette(c("indianred", "indianred4"))(1)
colors100 <- colorRampPalette(c("steelblue", "steelblue4"))(1)
colors101 <- colorRampPalette(c("snow2", "snow4"))(1)
colors102 <- colorRampPalette(c("magenta", "magenta4"))(1)
colors103 <- colorRampPalette(c("green", "green3"))(1)
colors104 <- colorRampPalette(c("lightcoral", "lightcoral"))(1)
colors105 <- colorRampPalette(c("powderblue", "powderblue"))(1)

```

```

colors106 <- colorRampPalette(c("chartreuse", "chartreuse"))(1)
colors107 <- colorRampPalette(c("paleturquoise", "paleturquoise4"))(1)
colors108 <- colorRampPalette(c("hotpink", "hotpink"))(1)
colors109 <- colorRampPalette(c("yellow", "yellow2"))(1)
colors110 <- colorRampPalette(c("cadetblue", "cadetblue"))(1)
colors111 <- colorRampPalette(c("sandybrown", "sandybrown"))(1)
colors112 <- colorRampPalette(c("darkolivegreen", "darkolivegreen"))(1)
colors113 <- colorRampPalette(c("dodgerblue", "dodgerblue4"))(1)
colors114 <- colorRampPalette(c("cyan", "cyan2"))(1)
colors115 <- colorRampPalette(c("antiquewhite", "antiquewhite2"))(1)
colors116 <- colorRampPalette(c("aquamarine", "aquamarine"))(1)
colors117 <- colorRampPalette(c("lightcyan2", "lightcyan3"))(1)
colors118 <- colorRampPalette(c("darkgoldenrod", "darkgoldenrod4"))(1)
colors119 <- colorRampPalette(c("khaki", "khaki4"))(1)
colors120 <- colorRampPalette(c("purple", "purple"))(1)
colors121 <- colorRampPalette(c("darkred", "darksalmon"))(1)
colors122 <- colorRampPalette(c("lightskyblue", "skyblue4"))(1)
colors123 <- colorRampPalette(c("orange", "orange"))(1)
colors124 <- colorRampPalette(c("tomato", "tomato4"))(1)
colors125 <- colorRampPalette(c("salmon", "salmon4"))(1)
colors126 <- colorRampPalette(c("lightgreen", "lightgreen"))(1)
colors127 <- colorRampPalette(c("darksalmon", "darksalmon"))(1)
colors128 <- colorRampPalette(c("lawngreen", "lawngreen"))( 1)
colors129 <- colorRampPalette(c("lightseagreen", "lightseagreen"))( 1)
colors130 <- colorRampPalette(c("lightblue", "darkblue"))( 1)
colors131 <- colorRampPalette(c("coral", "coral4"))(1)
colors132 <- colorRampPalette(c("burlywood", "burlywood4"))(1)
colors133 <- colorRampPalette(c("maroon", "maroon4"))(1)
colors134 <- colorRampPalette(c("magenta", "maroon4"))(1)
colors135 <- colorRampPalette(c("tomato", "tomato4"))(1)
colors136 <- colorRampPalette(c("darkslategrey", "darkslategrey"))(1)
colors137 <- colorRampPalette(c("peachpuff", "peachpuff4"))(1)
colors138 <- colorRampPalette(c("palevioletred", "palevioletred4"))(1)
colors139 <- colorRampPalette(c("lightpink", "pink4"))(1)
colors140 <- colorRampPalette(c("chocolate", "chocolate3"))(1)
colors141 <- colorRampPalette(c("bisque", "bisque4"))(1)
colors142 <- colorRampPalette(c("deeppink", "deeppink"))(1)
colors143 <- colorRampPalette(c("darkslategray", "darkslategray4"))(1)
colors144 <- colorRampPalette(c("limegreen", "limegreen"))(1)
colors145 <- colorRampPalette(c("darkseagreen", "darkseagreen"))(1)
colors146 <- colorRampPalette(c("lavender", "lavenderblush4"))(1)
colors147 <- colorRampPalette(c("darkorchid", "darkorchid"))(1)
colors148 <- colorRampPalette(c("cyan", "cyan"))(1)
colors149 <- colorRampPalette(c("cornsilk1", "cornsilk1"))(1)
colors150 <- colorRampPalette(c("darkorange", "darkorange4"))(1)
colors151 <- colorRampPalette(c("gold", "goldenrod4"))(1)
colors152 <- colorRampPalette(c("grey", "grey"))(1)
colors153 <- colorRampPalette(c("dodgerblue", "dodgerblue4"))(1)
colors154 <- colorRampPalette(c("lightgoldenrod", "lightgoldenrod"))(1)
colors155 <- colorRampPalette(c("lightgrey", "lightgrey"))(1)
colors156 <- colorRampPalette(c("mediumpurple", "mediumpurple4"))(1)
colors157 <- colorRampPalette(c("lightsteelblue", "lightsteelblue"))(1)
colors158 <- colorRampPalette(c("orangered", "orangered3"))(1)
colors159 <- colorRampPalette(c("palegreen", "palegreen"))(1)
colors160 <- colorRampPalette(c("red", "red4"))(1)

```

```

colors161 <- colorRampPalette(c("mediumvioletred", "mediumvioletred"))(1)
colors162 <- colorRampPalette(c("navajowhite", "navajowhite"))(1)
colors163 <- colorRampPalette(c("slategray", "slategray"))(1)
colors164 <- colorRampPalette(c("sienna", "sienna"))(1)
colors165 <- colorRampPalette(c("hotpink", "hotpink4"))(1)
colors166 <- colorRampPalette(c("rosybrown", "rosybrown2"))(1)
colors167 <- colorRampPalette(c("plum", "plum4"))(1)
colors168 <- colorRampPalette(c("gray47", "gray53"))(1)

TTM <- read.table("histo7.txt", header=TRUE, sep=",")

pdf("Relative abundance of Bacterial OTUs by samples.pdf", width=45, height=35)

ggplot(TTM,aes(x = factor(Sample, levels=unique(Sample)), y =Frequency, fill =OTU.ID,)) +
  geom_bar(stat="identity") + guides(fill=FALSE) +
labs(title = "Abundancia Relativa y Normalizada",
  y = "Abundancia Relativa (%)", x = "Muestras", fill = "OTUs") +
  theme(legend.position="bottom", legend.title = element_text(colour="black", size=40,
face="bold"), legend.text = element_text(colour="black", size=10, face="italic"),
axis.text.x = element_text(colour="black",size=10,face="bold",angle = 90),
axis.text.y = element_text(colour="black",size=10,face="bold"),
axis.title.x = element_text(colour="black",size=15,face="bold"),
axis.title.y = element_text(colour="black",size=15,face="bold")) +
guides(fill=guide_legend(nrow=60)) +
scale_fill_manual(values=c("#787878", "#FF7F50", "#D2691E", "#8A2BE2", "#DA70D6",
"#000080", "#CD5C5C", "#2E8B57", "#FFFAFA", "#FF00FF", "#ADFF2F", "#ADD8E6",
"#A020F0", "#7FFF00", "#AFEEEE", "#FF69B4", "#FFFF00", "#5F9EA0", "#F4A460",
"#556B2F", "#696969", "#8B008B", "#FFD700", "#7FFFD4", "#D1EEEE", "#B8860B",
"#EEE685", "#A020F0", "#FF8C00", "#87CEFA", "#FFA500", "#000000", "#00FF00",
"#90EE90", "#FF1493", "#FFFACD", "#87CEFA", "#ADD8E6", "#FF7256", "#DEB887",
"#FF34B3", "#B22222", "#EE5C42", "#2F4F4F", "#FFDAB9", "#DB7093", "#FFB6C1",
"#D2691E", "#FFE4C4", "#FF1493", "#8DEEEE", "#32CD32", "#8FBC8F", "#DB7093",
"#9932CC", "#00FFFF", "#FFF8DC", "#00BFFF", "#FFD700", "#BEBEBE", "#1E90FF",
"#EEDD82", "#FFB6C1", "#9370DB", "#B0C4DE", "#FF4500", "#98FB98", "#6A5ACD",
"#FFFF00", "#FFDEAD", "#708090", "#A0522D", "#191970", "#BC8F8F", "#DDA0DD",
"#F5DEB3", "#FF3E96", "#FAF0E6", "#CD4F39", "#00F5FF", "#FF0000", "#4682B4",
"#00FF00", "#BDB76B", "#00BFFF", "#FFFACD", "#FFA07A", "#CD661D", "#BA55D3",
"#F0E68C", "#A52A2A", "#00FF7F", "#D2B48C", "#CCCCCC", "#C0FF3E", "#C0FF3E",
"#FFB5C5", "#CD5C5C", "#4682B4", "#EEE9E9", "#FF00FF", "#00FF00", "#F08080",
"#B0E0E6", "#7FFF00", "#AFEEEE", "#FF69B4", "#FFFF00", "#5F9EA0", "#F4A460",
"#556B2F", "#1E90FF", "#00FFFF", "#FAEBD7", "#7FFFD4", "#D1EEEE", "#B8860B",
"#F0E68C", "#A020F0", "#8B0000", "#87CEFA", "#FFA500", "#FF6347", "#FA8072",

```

```
"#90EE90", "#E9967A", "#7CFC00", "#20B2AA", "#ADD8E6", "#FF7F50", "#DEB887",  
"#B03060", "#FF00FF", "#FF6347", "#2F4F4F", "#FFDAB9", "#DB7093", "#FFB6C1",  
"#D2691E", "#FFE4C4", "#FF1493", "#2F4F4F", "#32CD32", "#8FBC8F", "#E6E6FA",  
"#9932CC", "#00FFFF", "#FFF8DC", "#FF8C00", "#FFD700", "#BEBEBE", "#1E90FF",  
"#EEDD82", "#D3D3D3", "#9370DB", "#B0C4DE", "#FF4500", "#98FB98", "#FF0000",  
"#C71585", "#FFDEAD", "#708090", "#A0522D", "#FF69B4", "#BC8F8F", "#DDA0DD",  
"#787878" ))
```

```
dev.off()
```

A.9 Abundancia de genes con COG

A.9.1 Shotmap

```
shotmap.pl -i=$PATH -d /tmp/Shotmap_EGGdb -o=$PATH --trans-method="prodigal" --search-  
method=hmmsearch
```