

PERSONAL HEALTHCARE PLATFORM

AiBiotics

— (주) 에이아이바이오틱스 —



Microbiome 분석과 해석

- 임상 분야 적용 가능성에 대하여

Contents

1. AIBIOTICS가 하는일은?
2. 16srRNA procedure of Microbiome
3. Practical Methodology of Microbiome analysis
4. Microbiome Data를 해석하는 New Approach
5. 임상사례 [AIB 자체 Data]
 - 만성 장염
 - 대장 용종
 - 태변 사례
 - 모유 와 태변
 - 모유유산균과 태변 속 유산균
 - 위절제술 환자
6. Microbiome 의료행위 ?



소아청소년과 의사가 직접 참여하는 ‘국내 최초 소아청소년 전문 Microbiome 분석 서비스

세상 장미여든 같다

세계에서 태어난 1000만명 이상의 아기 중 생애 초기 형성되는 매우 중요한 시기입니다. 특히 언어의 성립에 큰 영향을 미치는 장내 미생물을 잘 이해하는 것이 정말 중요하고요.

따라서 건강 체질이 있는가 하면 후천적으로 건강해지는 시기가 있습니다. 부모로부터 받은 유전자 체질을 넘어 성장과정에서 식습관과 생활습관이 변화하면 장 건강 조리는 환경을 보다 자유롭게 만들어 줍니다.

배양된 장내 환경을 조성하면, 아이의 체질도 변화할 수 있습니다.

미생물군은 소중한 우리 아이들이 건강 환경을 찾아주는 방법을 제시합니다.

Gut Microbiome 장내 미생물 분석은 왜 필요할까요?

인간의 몸에서는 미생물의 90% 이상이 장내에 존재하며, 인간 몸무게의 2~4%를 차지할 정도로 그 수가 엄청나게 많습니다.

장내에는 미생물군이 인간의 장에서 자라면서 여러 가지 역할을 하고, 인체 건강의 70%를 결정합니다.

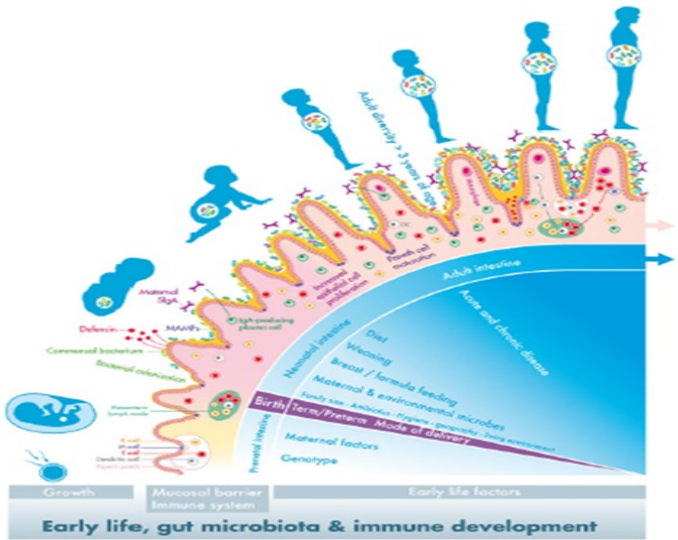
장내에는 장내 미생물군이 유산균과 유해균을 구분하고, 장내에 있는 여러 가지 유전자(Gut Microbiome 분석)에 매우 중요합니다.

미생물군 분석 서비스는?

미생물군은 장내 미생물과 그 유전자 정보를 포함하는 미생물 군집(Gut Microbiome)을 분석하여 그에 맞는 Solution을 제시하는 AIBIOTICS의 전문 분석 서비스입니다.

왜 미생물군이 중요할까요?

기생의 장내 미생물은, 대장암의 조기 진단, 혈액 상태 이상(빈혈, 식이, 신장질환), 가축 등의 고위 감염의 분포와 관련 있는 경우가 많다고 합니다. 하지만 장내 미생물의 분석은 이러한 아이들이 종합적으로 고려되어야 하고, 그에 따른 진단 방법 및 관리에 있어서는 것이 필요합니다.



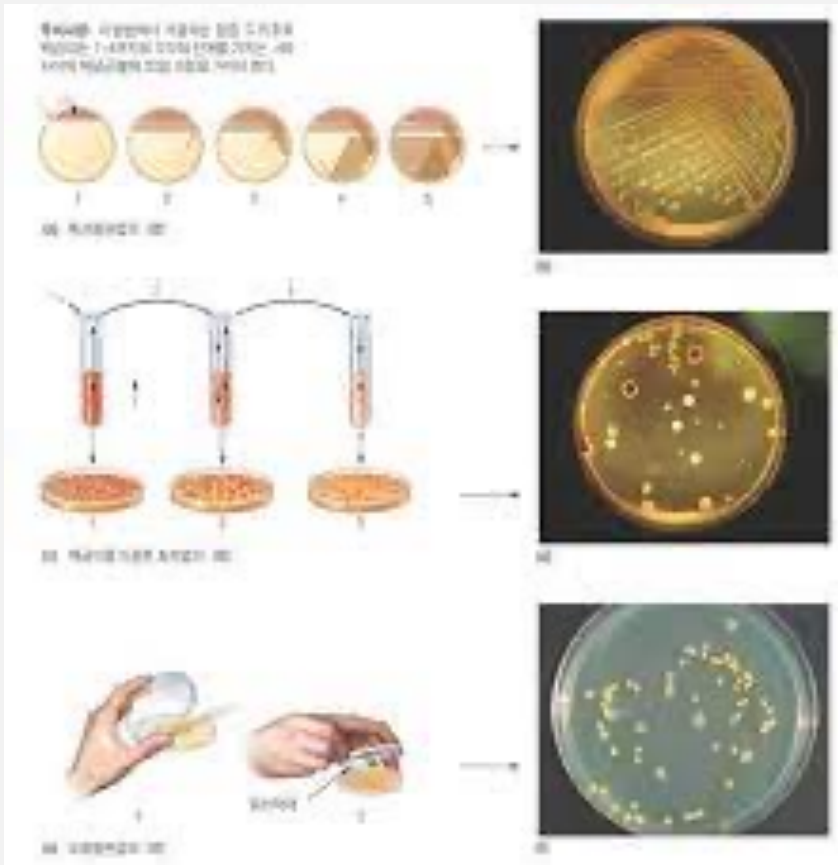
- Microbiome 분석에 특화
- 3단계 QC. 자체 개발 분석 platform.
- 임상의와 함께 만든 3000여건의 분석데이터

- Clean Bench For Sampling**
- Tianlong LIBEX For DNA Extraction**
- QC Equip For DNA 농도**
- QC Equip For DNA 농도**
- QC Equip For DNA 농도**
- Thermocycler For Amplicon PCR**
- Liquid Handler For...**
- MISEQ For NGS**
- QS1 For PCR**

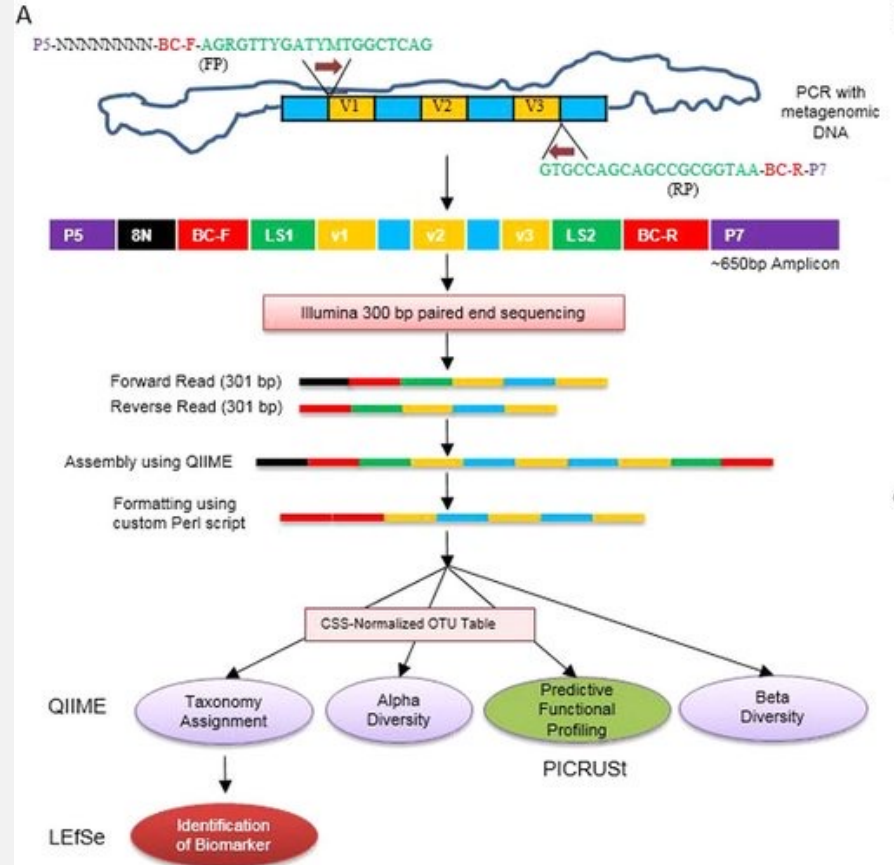
실험실 보유 장비

박테리아의 유전체 분석 기술

전통적인 박테리아 배양분석



NGS를 이용한 박테리아 동정



16S rRNA & NGS

16S 리보솜 RNA(16S rRNA)는

- 원핵생물 리보솜의 30S 소단위체를 구성하고 있는 rRNA로, 1,500 뉴클레오타이드 정도의 길이를 갖는다.
- 16S 리보솜 RNA는 원핵생물의 유전체 DNA에서 전사되어 만들어진다
- 16S 리보솜 RNA의 서열을 비교하여 원핵생물을 동정할 수 있다.
- 동종간에는 다양성이 거의 없는 반면에 타종간에는 다양성이 나타나므로 생물동정에 사용된다.
- **배양이 불가능하거나 어려운 생물, 또는 보고된 적이 없는 생물의 동정 및 분류에 유용하게 사용된다.**

NGS 목적과 원리

차세대 염기서열분석 (Next generation sequencing; NGS) 법은 DNA 가닥을 각각 하나씩 분석하여 매우 빠르고 저렴하게 염기서열 분석이 가능하다는 장점을 가지고 있습니다.

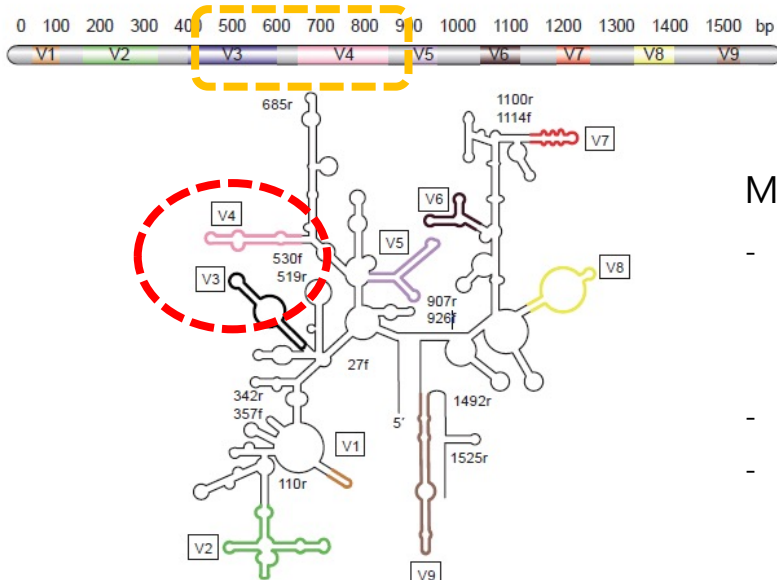
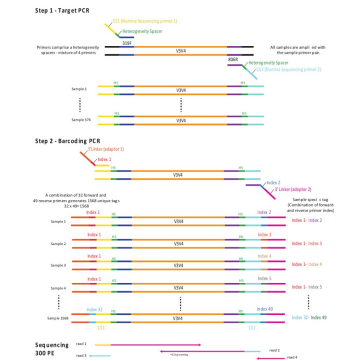
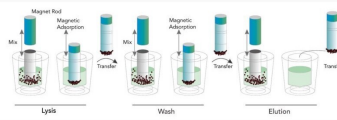
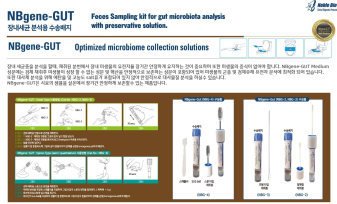


그림 98. 16S rRNA의 변동성 부위(V1-V9)와 변함없는 부위(회색)

Microbiome의 분석법으로 16SrRNA 분석을 주로 이용

- 변동성 V3-V4 부위 사이에는 균종에 상관없이 염기서열이 동일한 부위(constant region)에 맞추어 모든 균이 공통적으로 증폭될 수 있는 프라이머(universal primer)를 고안하여 PCR 증폭을 통한 NGS 분석을 할 수 있습니다.
- 배양법으로 측정 불가능한 균종을 균일하게 분석 가능함.
- V3-V4 Zone은 Genus Level 의 정합성이 확보. Species Level에서 불안정.

16srRNA 분석 Flow



Sample Collection

DNA 추출

Amplicon PCR

Index PCR

NGS

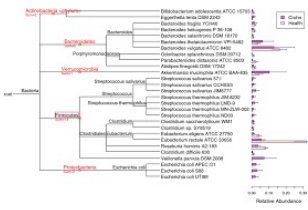
Report Generation

Data 분석

Taxonomy Assign

FASTQ Data 생성

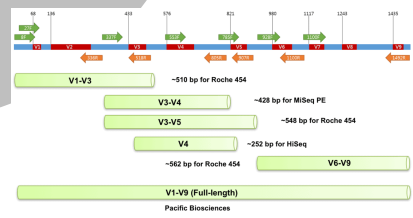
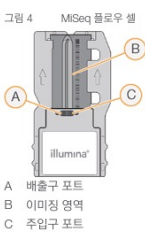
Normalize
Sample농도 균일화



```

@FORJUSP02A3WD1
CCGTC AATT CATT TAAGTTT TTAAC CTTGCGGCCGTA CTCCACGGC GGT
+
AAAAAAAAAAAAA::99@:::??@:::FFAAAAACCAA:::BB@@?A?
    
```

Label Sequence
Q scores (as ASCII chars)
Base=T, Q=-25



16srRNA 분석 Flow – 1. Sample Collection

NBgene-GUT 장내세균 분석용 수송배지

Feces Sampling kit for gut microbiota analysis
with preservative solution.



NBgene-GUT Optimized microbiome collection solutions



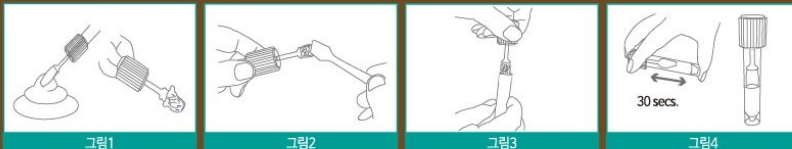
장내 세균총을 분석을 할때, 채취된 부분에서 장내 미생물의 유전자를 장기간 안정하게 유지하는 것이 중요하며 또한 미생물의 증식이 없어야 합니다. NBgene-GUT Medium 성분에는 **검체 채취후 미생물이 성장 할 수 없는 성분 및 핵산을 안정적으로 보존하는 성분이 포함** 되어 있어 미생물의 군총 및 검체유래 유전자 분석에 최적화 되어 있습니다. 또한 대사체 분석을 위해 에탄올 및 고농도 salt류가 포함되어 있지 않아 안정적으로 대사물질 분석을 하실수 있습니다. NBgene-GUT은 **시료의 샘플을 실온에서 장기간 안정하게 보존**할수 있는 제품입니다.

NBgene-GUT : Swab Type 사용방법 (Cat.No : NBG-2, NBG-3)



- [그림1] 검체 채취용 면봉으로 분변을 채취한다.
- [그림2-1] NBG-2 : 채취된 면봉을 그림과 같이 넣고 캡을 닫는다.
- [그림2-2] NBG-3 : 채취된 면봉을 튜브에 넣고 Breakpoint 부분을 부러뜨린다.
- [그림3] 캡을 단단히 잠근다.
- [그림4] 샘플이 잘 혼합되도록 그림과 같이 흔들어주어 검체를 균일(homogeneous)하게 해준다.

NBgene-GUT : Spoon Type (semi-quantitative) 사용방법 (Cat.No : NBG-4)



- [그림1] 검체 채취용 스푼으로 분변을 채취한다.
- [그림2] 채취된 분변을 제공된 스푼틀러를 이용하여 그림과 같이 스푼의 뒷면을 밀어준다. (채취량 ≈ 1g)
- [그림3] 튜브에 조심스럽게 넣고 캡을 잠근다.
- [그림4] 튜브안의 sus ball을 이용하여 샘플이 잘 혼합되도록 그림과 같이 흔들어주어 검체를 균일(homogeneous)하게 해준다.

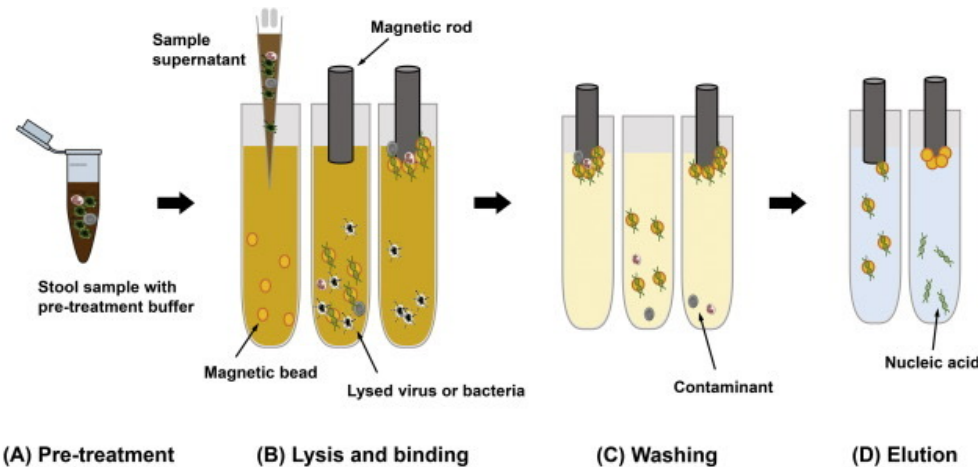
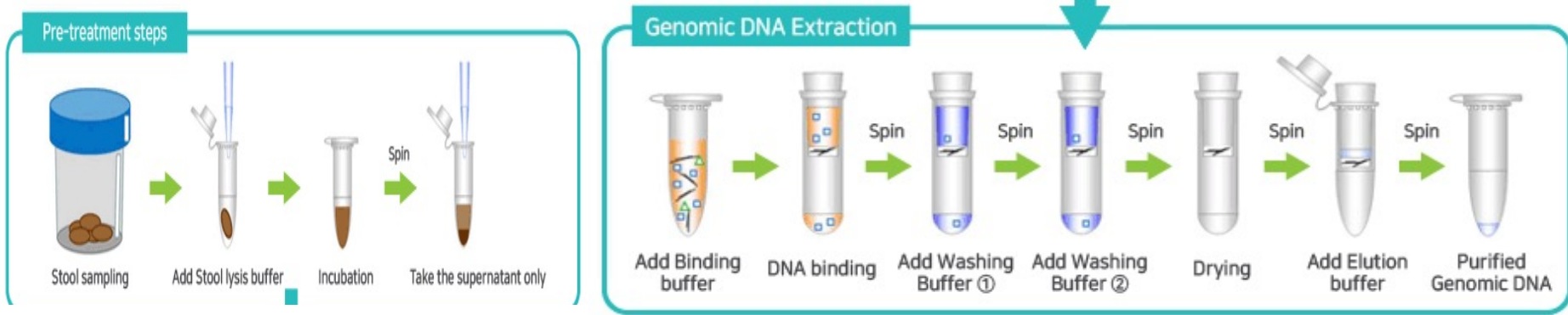
NBgene-Gut (NBG-4) 구성품



NBgene-Gut (NBG-2, NBG-3) 구성품



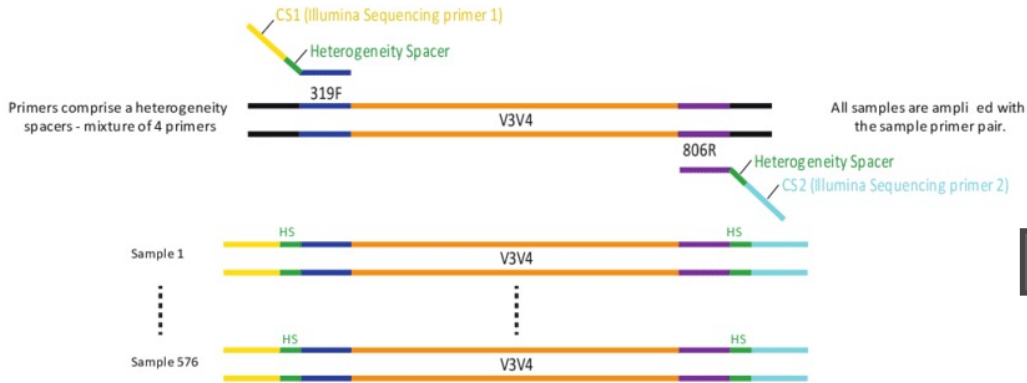
16srRNA 분석 Flow – DNA추출



1. Stool sample내 불순물 제거 .
 - 섬유질, 단백질, 효소, SCFA...
 - Bead Beating - Spin Down – 상층액
2. 추출된 DNA 용액의 성분은
 - Human DNA, Plant DNA, Meat DNA + **Microbiome**

16srRNA 분석 Flow – Amplicon/Index PCR

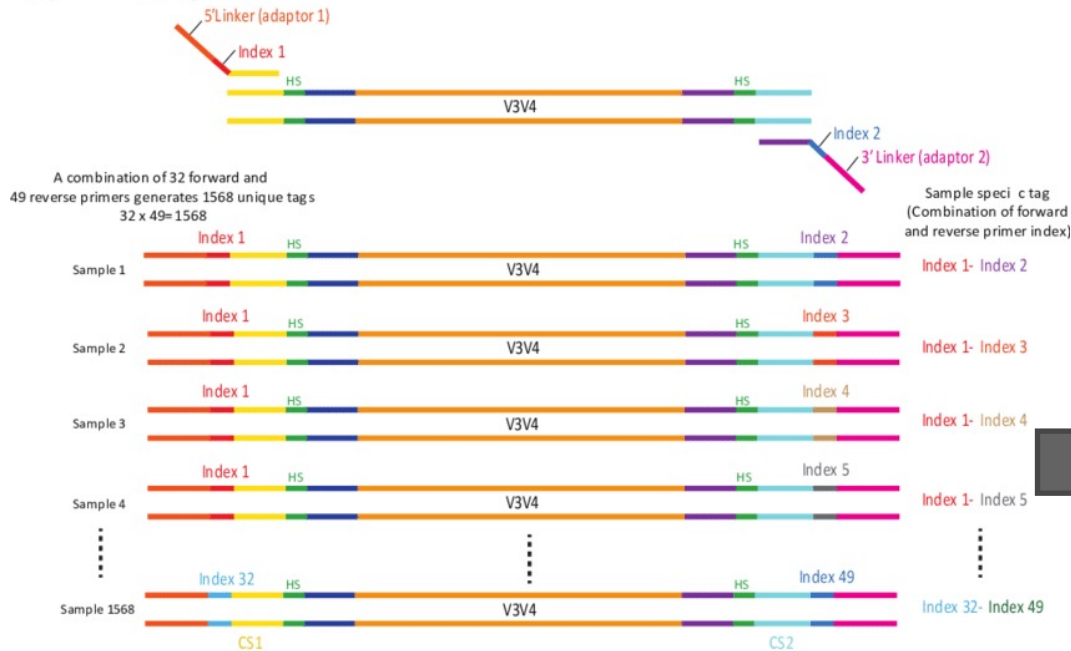
Step 1 - Target PCR



Microbiome이 가지는 염기서열의 특성을 고려하여 V3~V4 zone 만 특이하게 증폭.

- Human DNA비롯 Stool내 존재하는 다른 DNA의 Noise제거

Step 2 - Barcoding PCR



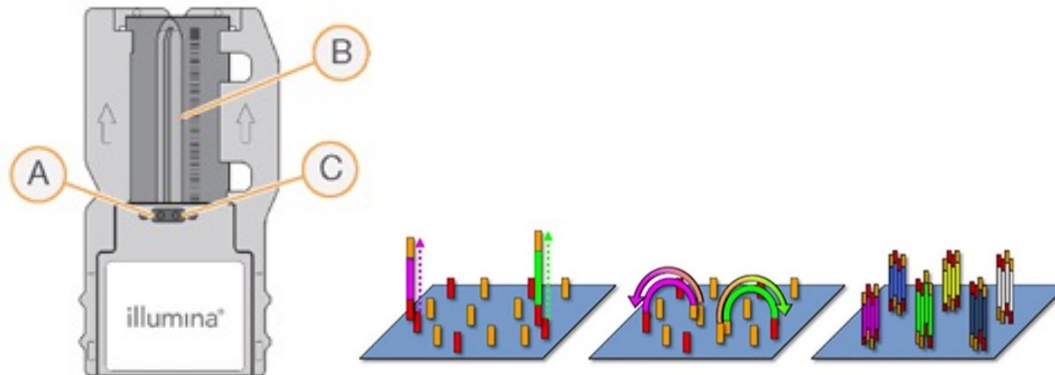
수십, 수백개의 샘플을 동시에 Loading 해야 하는 장비의 특성을 고려 각 샘플에 규칙성을 가진 염기서열을 따로 붙이는 작업.

Sequencing 300 PE

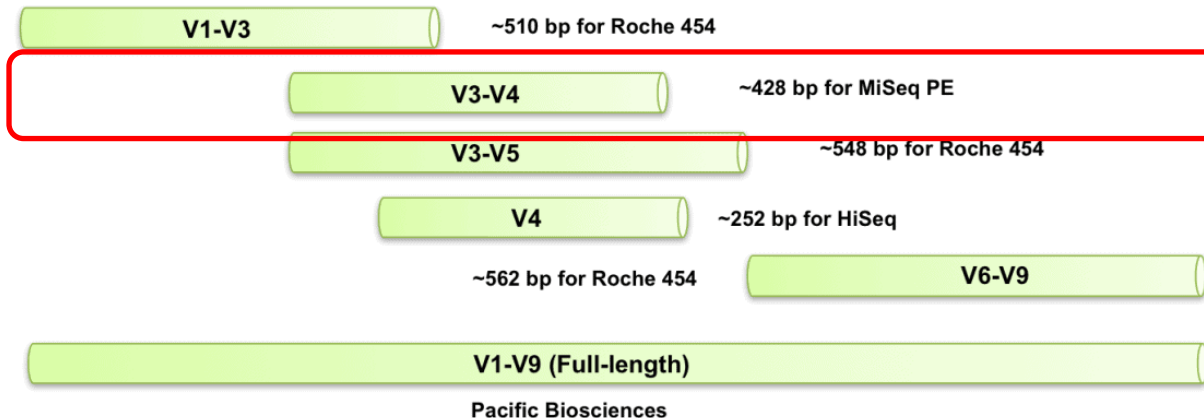
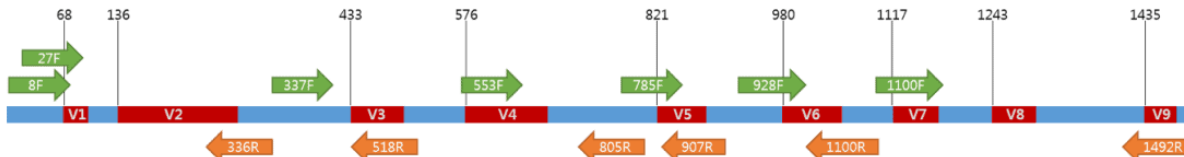


16srRNA 분석 장비- Illumina

그림 4 MiSeq 플로우 셀



- A 배출구 포트
- B 이미징 영역
- C 주입구 포트



Illumina Miseq

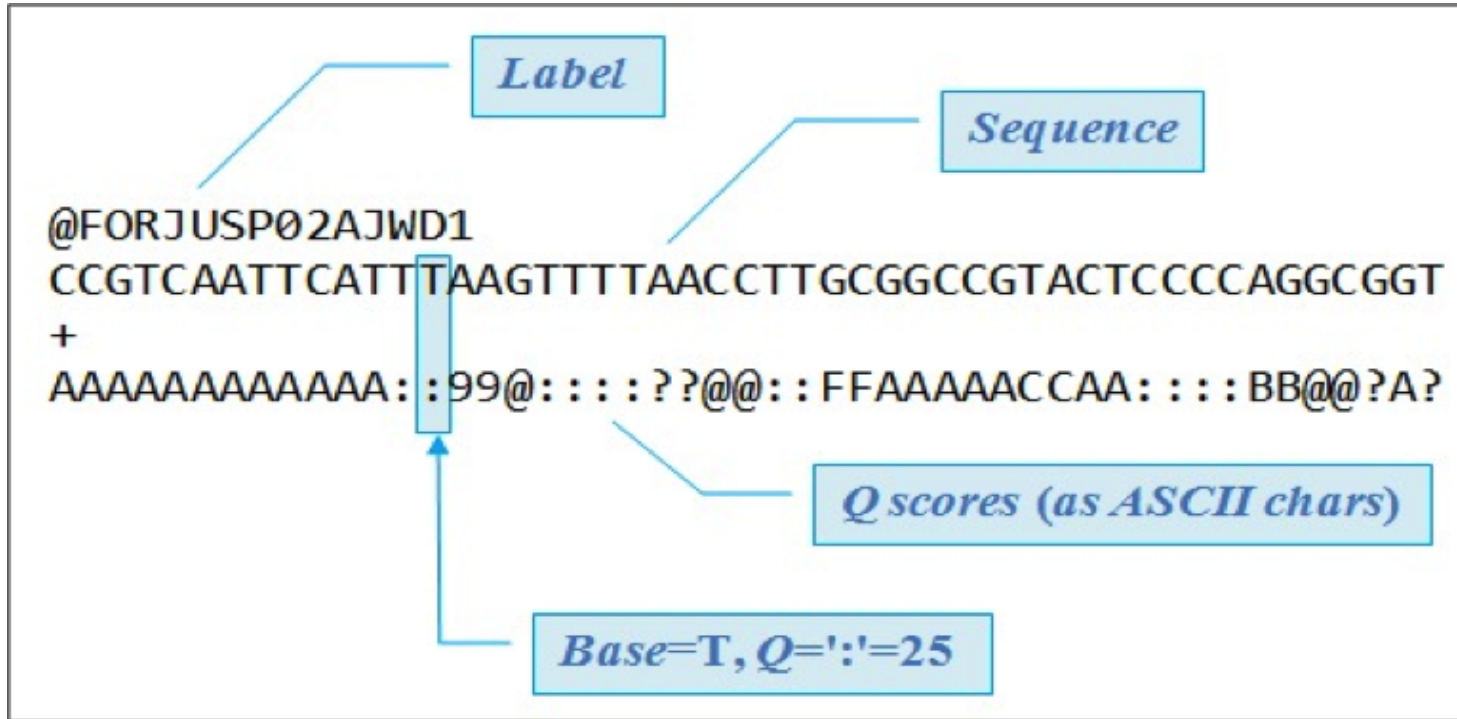


Microbiome 분석에 가장 보편적으로 사용되는 일루미나 장비의 Target Region

-> 미국의 human microbiome project의 표준 protocol

> 타 장비 적용 시 기존 논문과 데이터 비교가 불가능함.

16srRNA 분석 Flow – Sequencing data Generation



FASTQ files

=> 한개 DNA 염기서열 정보(리드) : 한 Batch에 수백만 리드의 정보가 만들어 진다.

=> 모든 리드의 정보를 읽어 해당되는 염기서열을 일치 시키는 작업이 이어진다.

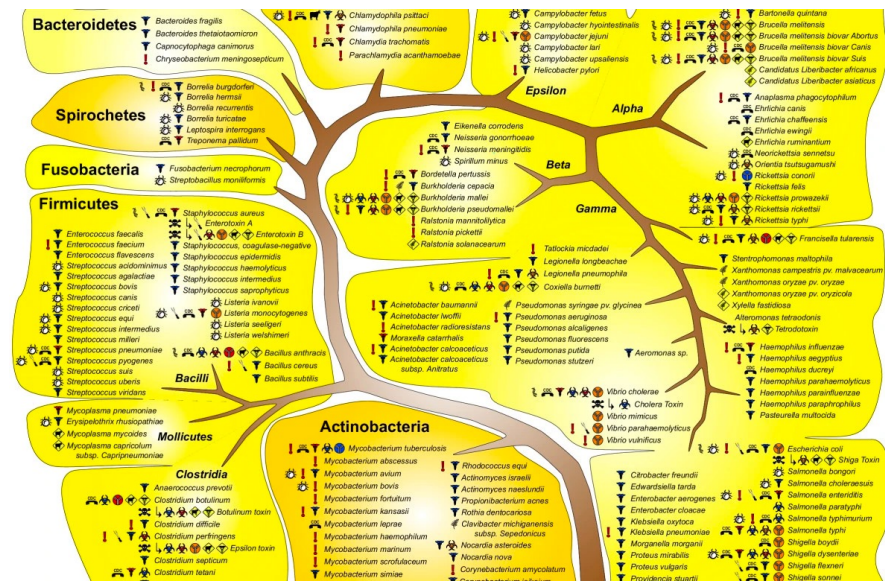
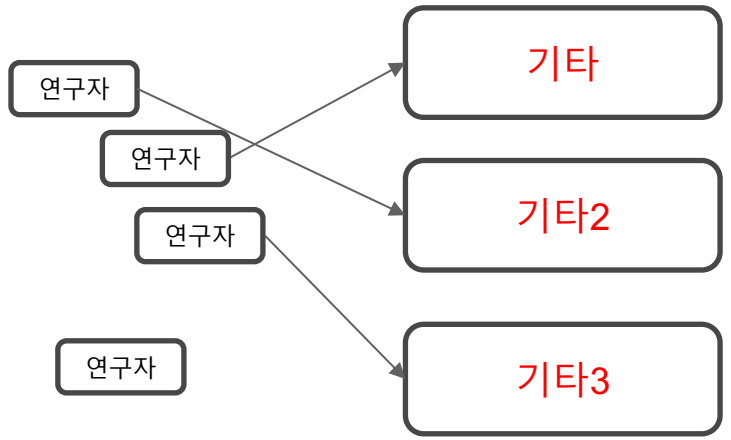
16srRNA 분석 Flow – Taxonomy Classification



Human Microbiome
분석용으로 추천건으로 요약



> 기존 NCBI DB의 오류를 일방적으로 수정할 경우
기존 연구와 데이터 호환이 불가능.



분석 예제 [DADA2로 전환된 2차 raw Data]

Species	31BR290038	55BE020061	51BE340001	31BR290019	31BR290062	33BR020008	33BR020003	55BM010024
<i>Prevotella</i> <i>Prevotella_copri</i> (AB064923)	40054	24394	1563	1776	39208	29844	34009	168
<i>Streptococcus</i> <i>Streptococcus_salivarius</i> (AY188352)	2958	60	159	42	70	31		60
<i>Veillonella</i> <i>Veillonella_dispar</i> (AF439639)	1490	909	349	22276	1464	938	1386	773
<i>Bacteroides</i> <i>Bacteroides_dorei</i> (AB242142)	3412	1920	13545	122	3493	2150	2828	27917
<i>Bacteroides</i> <i>Bacteroides_fragilis</i> (CR626927)	4587	3053	2301	173	5334	3043	4391	8277
<i>Sutterella</i> <i>Sutterella_wadsworthensis</i> (GU585669)	9054	5536	7819	290	6034	6063	7500	49
<i>Megamonas</i> <i>Megamonas_funiformis</i> (AB300988)	10877	6401	3711	258	10152	7757	9231	4873
<i>Bacteroides</i> <i>Bacteroides_vulgatus</i> (CP000139)	4376	2837	10228	128	4686	2976	3377	20814
<i>Faecalibacterium</i> <i>Faecalibacterium_prausnitzii</i> (AJ413954)	4898	376						
<i>Alloprevotella</i> <i>Prevotellamassilia_timonensis</i> (NR_144750.1)	9560	568						
<i>Bacteroides</i> <i>Bacteroides_uniformis</i> (AB050110)	6174	3926						
Species	31BR290038	55BE020061	51BE340001	31BR290019	31BR290062	33BR020008	33BR020003	55BM010024
Prevotella <i>Prevotella_copri</i> (AB064923)	40054	24394	1563	1776	39208	29844	34009	168
Streptococcus <i>Streptococcus_salivarius</i> (AY188352)	2958	60	159	42	70	31		60
Veillonella <i>Veillonella_dispar</i> (AF439639)	1490	909	349	22276	1464	938	1386	773
Bacteroides <i>Bacteroides_dorei</i> (AB242142)	3412	1920	13545	122	3493	2150	2828	27917
Bacteroides <i>Bacteroides_fragilis</i> (CR626927)	4587	3053	2301	173	5334	3043	4391	8277
Sutterella <i>Sutterella_wadsworthensis</i> (GU585669)	9054	5536	7819	290	6034	6063	7500	49
Megamonas <i>Megamonas_funiformis</i> (AB300988)	10877	6401	3711	258	10152	7757	9231	4873
Bacteroides <i>Bacteroides_vulgatus</i> (CP000139)	4376	2837	10228	128	4686	2976	3377	20814
Faecalibacterium <i>Faecalibacterium_prausnitzii</i> (AJ413954)	4898	376						
Alloprevotella <i>Prevotellamassilia_timonensis</i> (NR_144750.1)	9560	568						
Bacteroides <i>Bacteroides_uniformis</i> (AB050110)	6174	3926						
Bacteroides <i>Bacteroides_dorei</i> (AB242142)	3412	1920	13545	122	3493	2150	2828	27917
Bacteroides <i>Bacteroides_fragilis</i> (CR626927)	4587	3053	2301	173	5334	3043	4391	8277
Sutterella <i>Sutterella_wadsworthensis</i> (GU585669)	9054	5536	7819	290	6034	6063	7500	49
Megamonas <i>Megamonas_funiformis</i> (AB300988)	10877	6401	3711	258	10152	7757	9231	4873
Bacteroides <i>Bacteroides_vulgatus</i> (CP000139)	4376	2837	10228	128	4686	2976	3377	20814
Faecalibacterium <i>Faecalibacterium_prausnitzii</i> (AJ413954)	4898	376						
Alloprevotella <i>Prevotellamassilia_timonensis</i> (NR_144750.1)	9560	568						
Bacteroides <i>Bacteroides_uniformis</i> (AB050110)	6174	3926						

각 균종별 lead count로 표시.

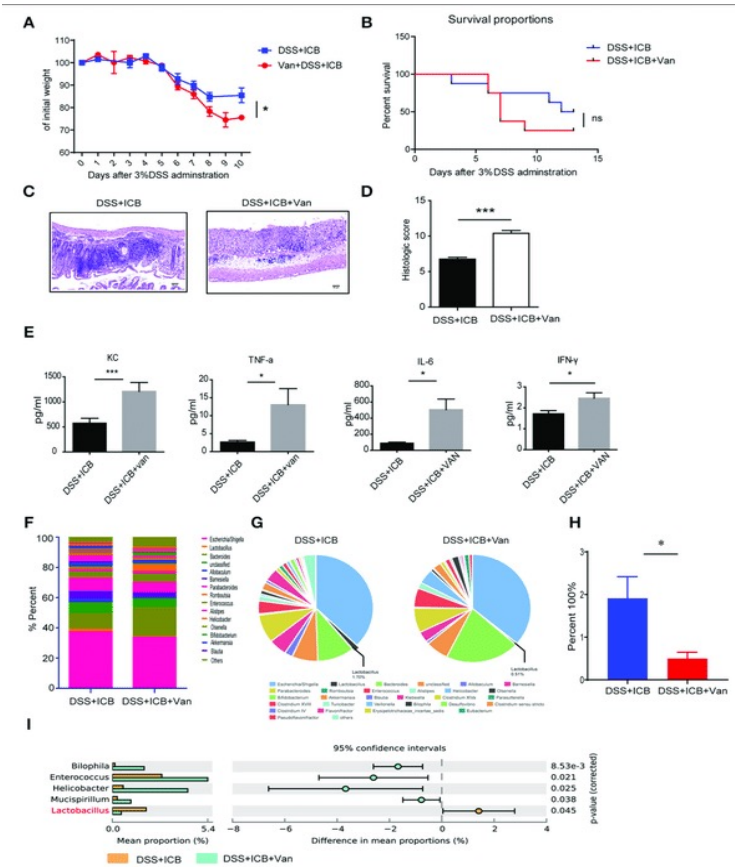
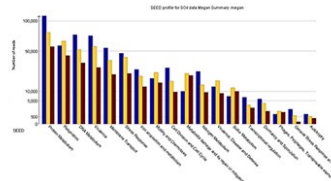
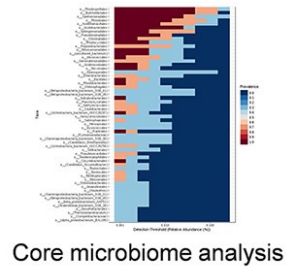
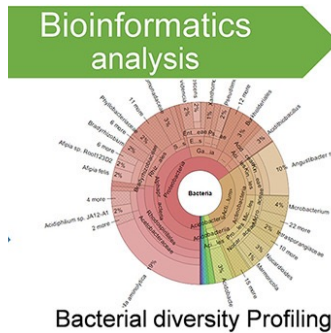
- Sample별 수율차이, 농도차이로 절대 정량 불가
- %로 환산

기존의 Microbiome의 분석 기법 [% data를 표현하는 방법]

기존의 Microbiome의 분석 기법은 Sample과 대조군의 비교 data를 비교하는 방식으로 보여주고 있음

Major 균 위주의 분포 분석-> 이상 분포의 확인 가능

- Unknown Factor의 발굴이 어렵다.
- 군집분석 외 개별 분석이 어렵다



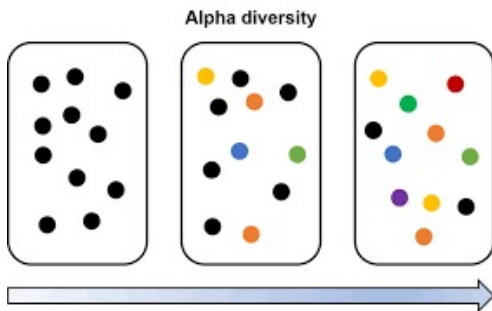
알파 / 베타 다양성

알파 다양성 : 한 샘플내 얼마나 많은 종이 분포하는지 확인
 - 종의 다양성과 양을 동시에 표현

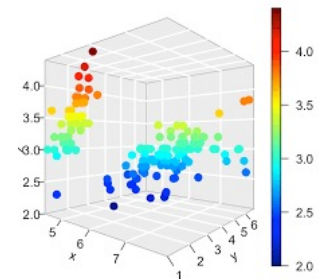
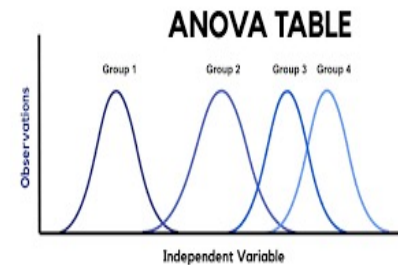
Observed OTUS	Number of species distributed per sample
Chao1	Estimate the richness of the species based on the information of the species
Shannon index	Estimates the diversity of the species present in the sample
Simpson index	The concentration of species found in the sample, which has a value of 0 to 1
Goods coverage	Accuracy based on diversity analysis

베타 다양성 : 군집간의 거리가 얼마나 떨어져 있는지 확인
 - 군집간의 차이를 확인

Bray-Curtis dissimilarity	Statistic used to quantify the compositional dissimilarity between two different sites
UniFrac - weighted	Weighted(quantitative) variants of UniFrac are widely used in microbial ecology
UniFrac - unweighted	Unweighted(qualitative) variants of UniFrac are widely used in microbial ecology
Jaccard index	Statistic used for comparing the similarity and diversity of sample sets



$$H = - \sum_{i=0}^S p_i \ln p_i$$



실험Protocol, Batch size... 다양한 편차 요소 주의

Good&Bad (X) , Just Different

AIBIOTICS

Microbiome as a New Ecosystem



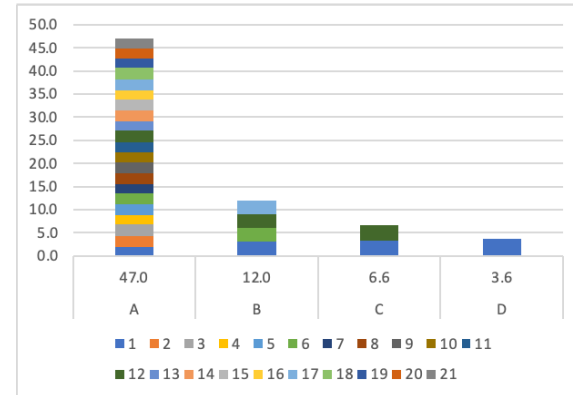
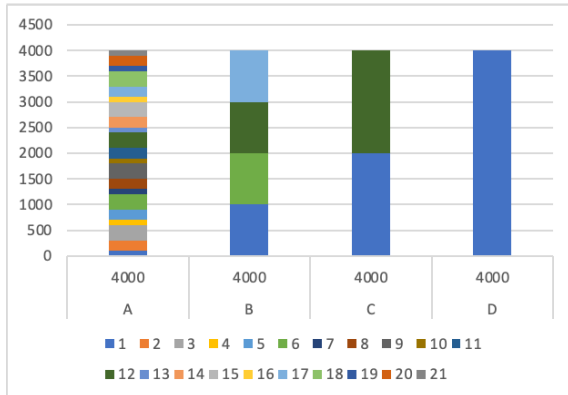
* 다양성의 이해

Log scale로 Data를 치환하여 종의 다양성을 표현하는 방법

	A	B	C	D
	4000	4000	4000	4000
1	100	1000	2000	4000
2	200			
3	300			
4	100			
5	200			
6	300	1000		
7	100			
8	200			
9	300			
10	100			
11	200			
12	300	1000	2000	
13	100			
14	200			
15	300			
16	100			
17	200	1000		
18	300			
19	100			
20	200			
21	100			

A: (100~300) x 21 = 4000
 B: 1000 x 4 = 4000
 C: 2000 x 2 = 4000
 D: 4000 x 1 = 4000

	A	B	C	D
	47.0	12.0	6.6	3.6
1	2.0	3.0	3.3	3.6
2	2.3			
3	2.5			
4	2.0			
5	2.3			
6	2.5	3.0		
7	2.0			
8	2.3			
9	2.5			
10	2.0			
11	2.3			
12	2.5	3.0	3.3	
13	2.0			
14	2.3			
15	2.5			
16	2.0			
17	2.3	3.0		
18	2.5			
19	2.0			
20	2.3			
21	2.0			





AIB 임상 중심의 분석법 - 내 환자의 특이점을 찾아라.

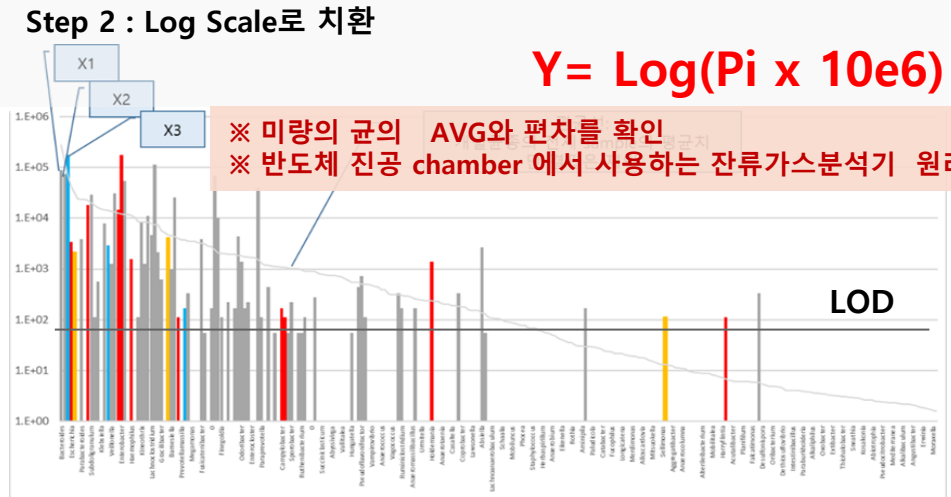
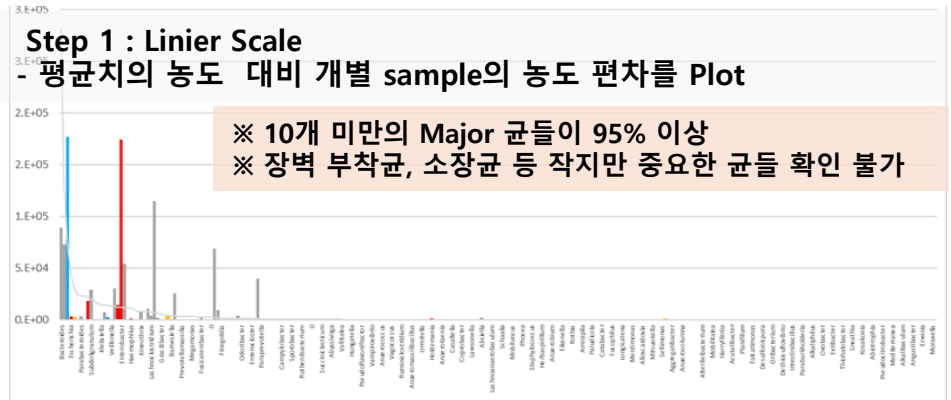
반도체 공정관리 기술과 Shannon Index의 응용

- 평균과 표준편차를 이용한 관리기준 설정
- Log Scale을 적용한 Visualize

$$H = - \sum_{i=0}^S p_i \ln p_i$$

Shannon index

Family	Genus	MAEIL20D01
Actinomycetaceae	Actinomyces	0.00%
Actinomycetaceae	Gleimia	0.00%
Actinomycetaceae	Mobiluncus	0.00%
Actinomycetaceae	Schaalia	0.01%
Bifidobacteriaceae	Alloscardovia	0.00%
Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	2.51%
Bifidobacteriaceae	Gardnerella	0.00%
	Lawsonella	0.00%
Corynebacteriaceae	Corynebacterium	0.00%
Dermabacteraceae	Dermabacter	0.00%
Microbacteriaceae	Microbacterium	0.00%
Micrococcaceae	Rothia	0.00%
Propionibacteriaceae	Cutibacterium	0.00%
Atopobiaceae	Lancefieldella	0.00%
Coriobacteriaceae	Collinsella	0.00%
Coriobacteriaceae	Senegalimassilia	0.00%
Eggerthellaceae	Adlercreutzia	0.00%
Eggerthellaceae	Eggerthella	0.00%
Eggerthellaceae	Gordonibacter	0.00%
Eggerthellaceae	Slackia	0.00%
	Phocaeicola	0.00%
Bacteroidaceae	Bacteroides	0.00%
Bacteroidaceae	Mediobacterium	0.00%
Desulfobacteriaceae	Desulfobacterium	0.00%



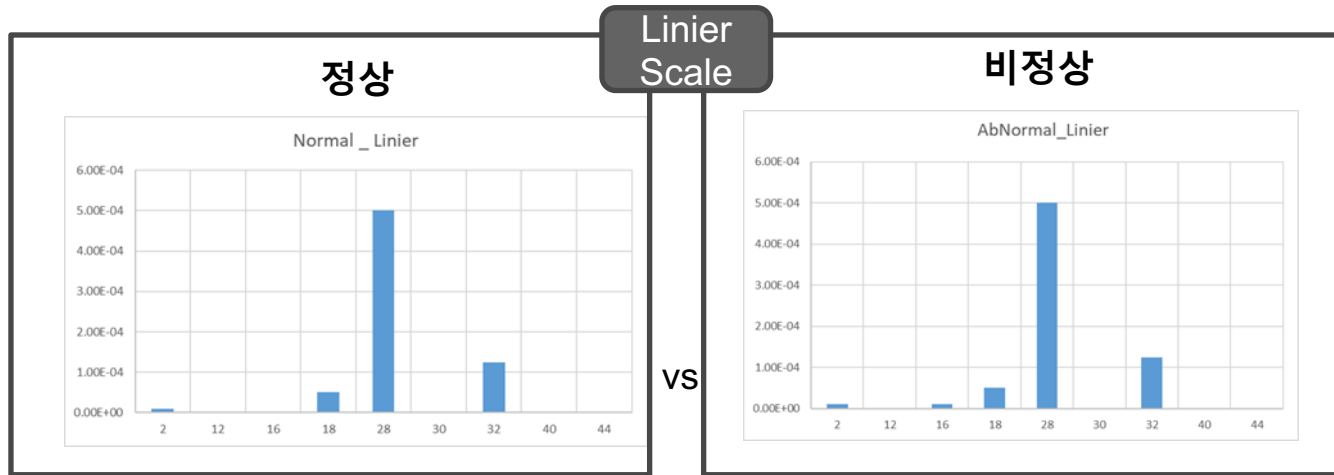
- ✓ 전체 누적 data를 대조군으로 사용
 - > 통계적 공정관리 기법
- ✓ Log Scale적용으로 미량의 균의 이상 분포를 확인
 - > 미세분포 확대경 역할

* 반도체 공정 분석의 응용

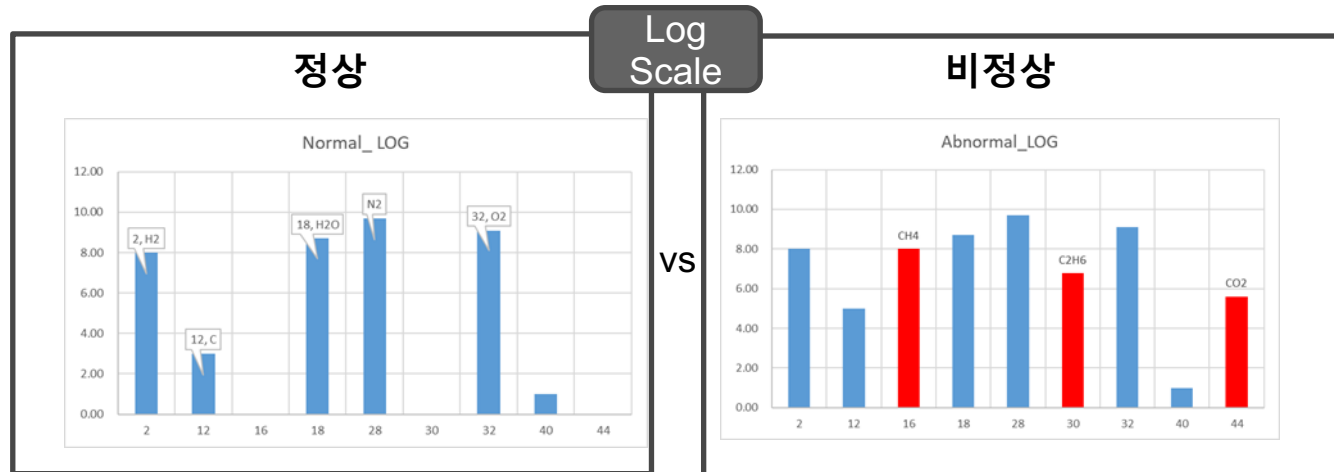
반도체 공정분석용 장비(RGA) 미세 Gas분석 사례

- 과점gas인 N2/O2 의 농도가 커서 다른 Gas의 Peak를 구분하기 위해 Log Scale 적용

Gas 종류	분자량	정상농도	이상농도
H2	2	1.00E-05	1.00E-05
c	12	1.00E-10	1.00E-08
CH4	16	1.00E-13	1.00E-05
H2O	18	5.00E-05	5.00E-05
N2,CO	28	5.00E-04	5.00E-04
C2H6	30	1.00E-13	6.00E-07
O2	32	1.25E-04	1.25E-04
Ar	40	1.00E-12	1.00E-12
CO2	44	1.00E-13	4.00E-08



➤ 오염물질의 상대적인 농도변화를 민감하게 검출하는 수단으로 사용

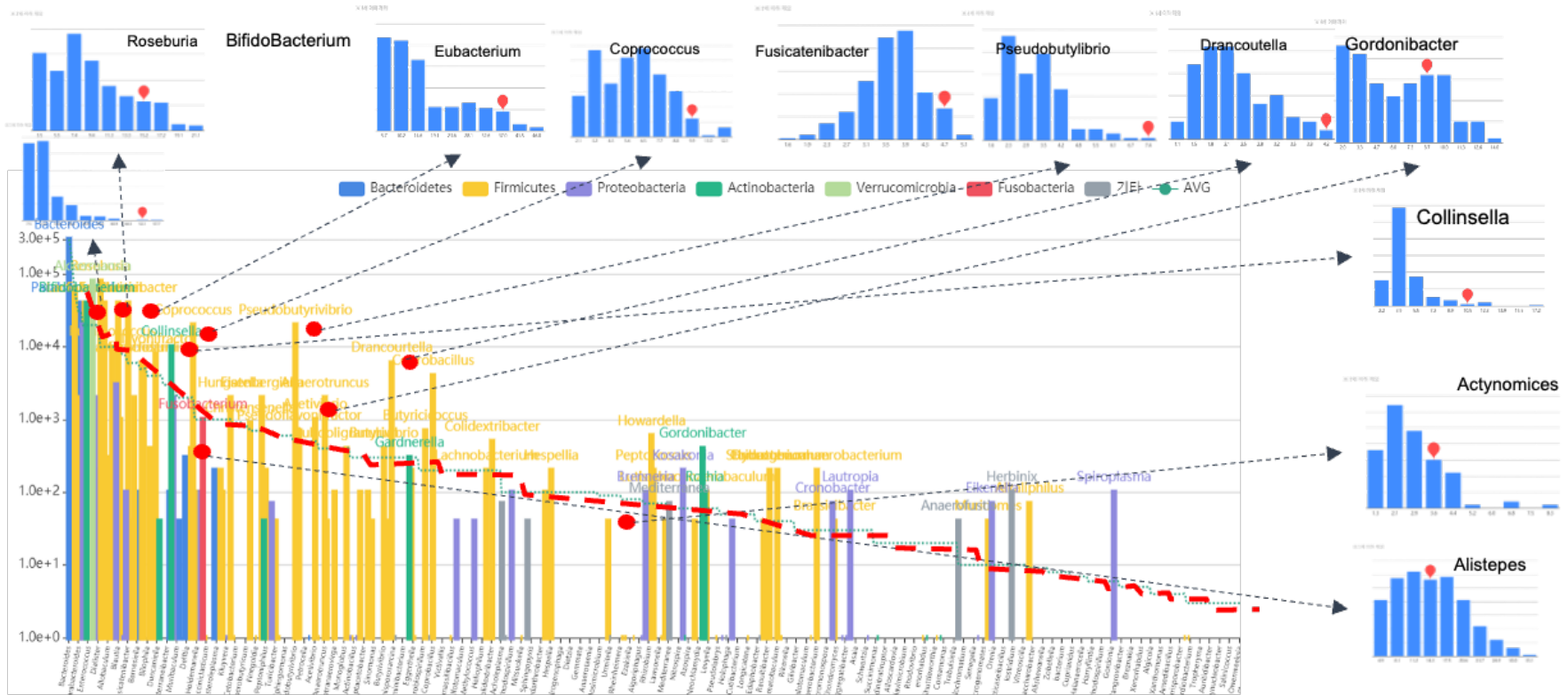




500개의 히스토그램을 하나의 Graph 로 표현

SPC 기법을 응용한 'abnormal' detection Tool (SPC : 통계적 공정관리)

- > Unknown Factor를 찾기 위한 공정 분석 방법에서 응용
- > 정규 분포에서 치우침을 가진 data를 abnormal 로 규정하는 방식
- > Genus Level 500여 균종의 Sample별 개별 농도 data에 대한 정규 분포를 하나의 그래프에 표현.

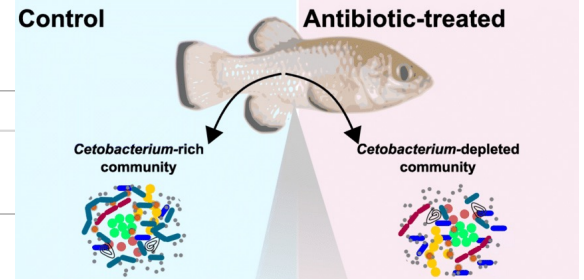
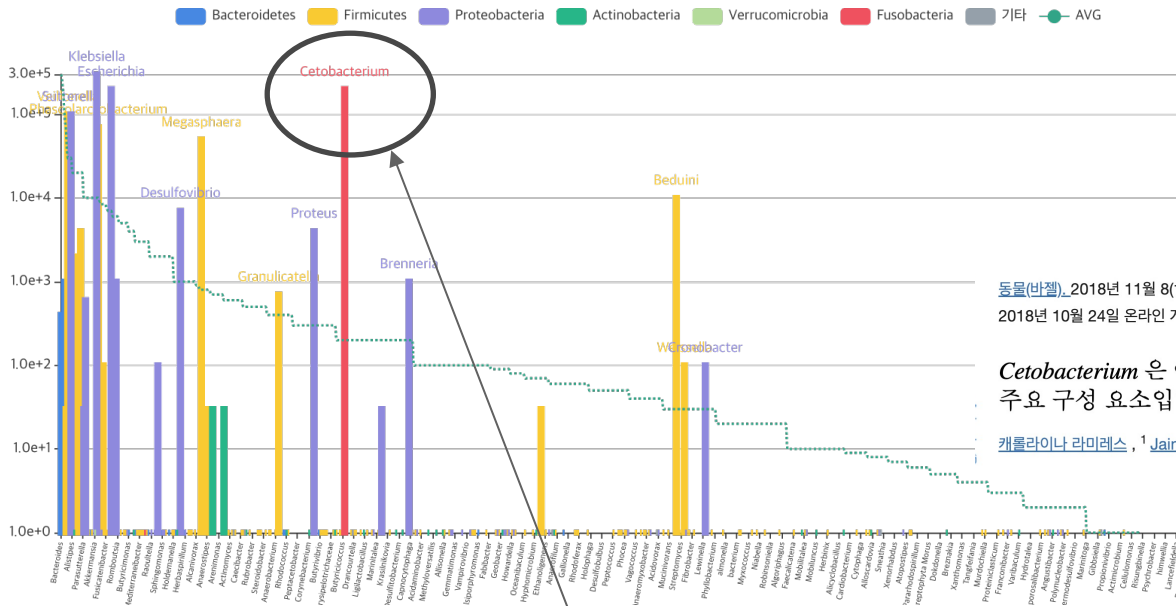


개별균종의 Histogram

$$\text{평균과 벗어나는 정도 (Deviation/표준편차)} \times \text{영향력 (bias)} = \text{Vecter}$$



임상사례 ; 만성 장염 11세 여아



동물(반질), 2018년 11월 8(11): 189.

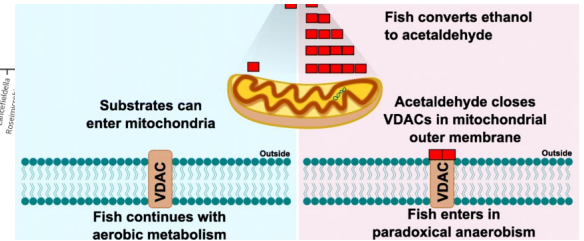
PMCID : PMC626255

2018년 10월 24일 온라인 게시. doi: [10.3390/ani8110189](https://doi.org/10.3390/ani8110189)

PMID: [3035296](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3035296/)

Cetobacterium 은 에콰도르의 거대 아마존 물고기(*Arapaima gigas*) 미생물군집의 주요 구성 요소입니다.

캐롤리나 라미레스¹, Jaime Coronado¹, Arturo Silva² 및 Jaime Romero^{1,*}



Klebsiella
(발견빈도 83%)

Ceto bacterium
(발견빈도 11%)

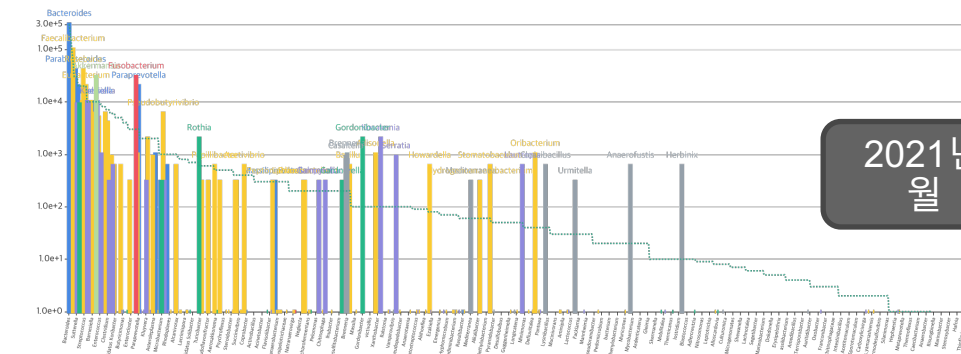
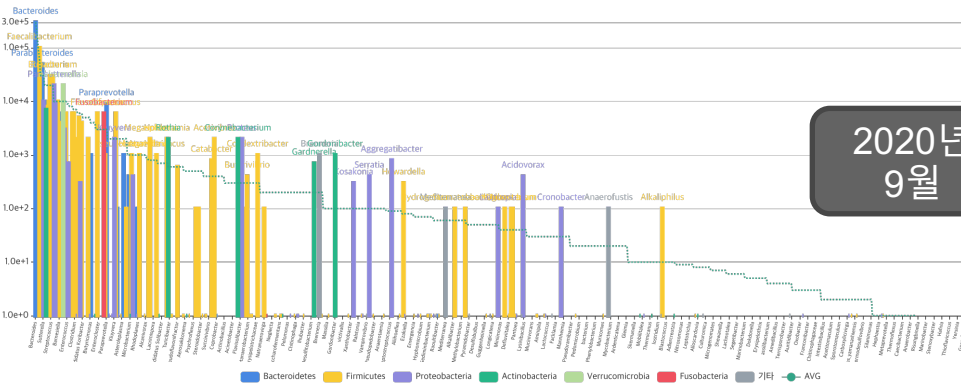
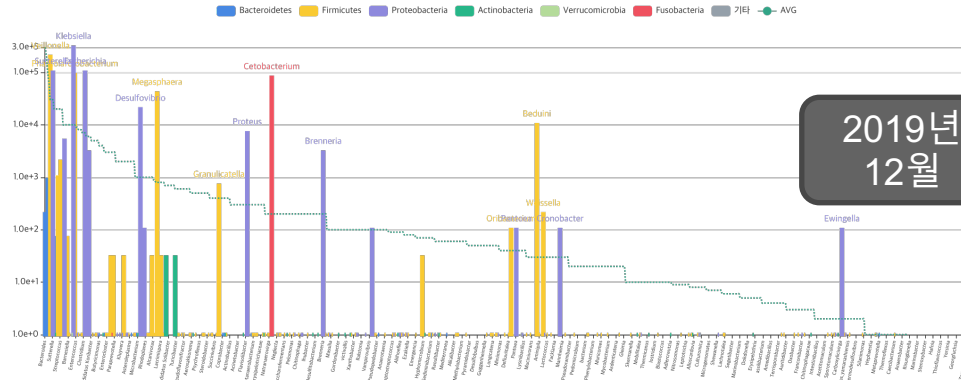
Escherichia
(발견빈도 43%)

인도네시아 거주...

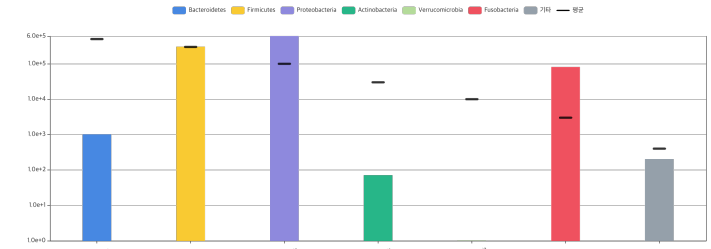
항생제 내성균...



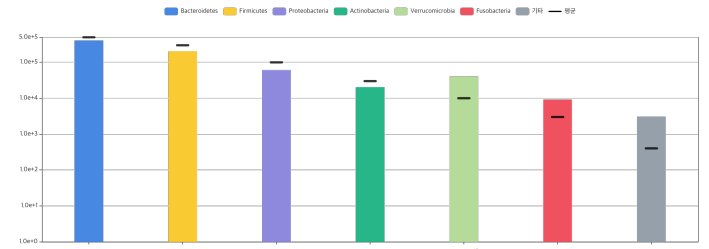
임상사례 ; 만성 장염 11세 여아 2 - 변화



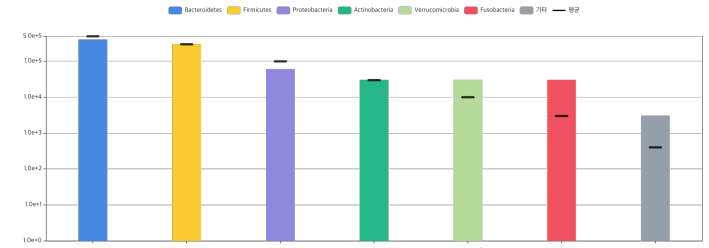
Phylum 농도 분포 비교



보통균의 낮은 농도



보통균농도 증가와 프로테오의 감소

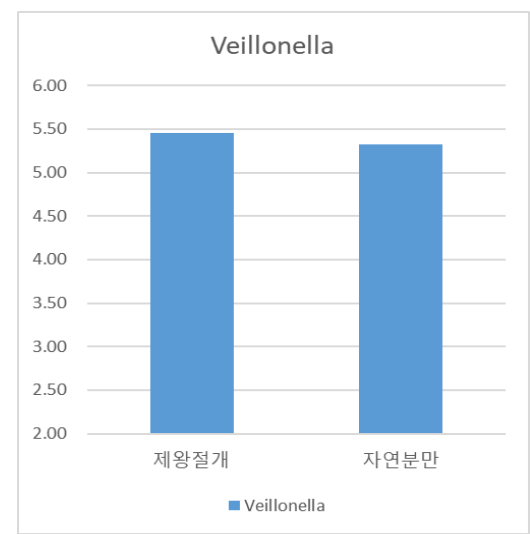
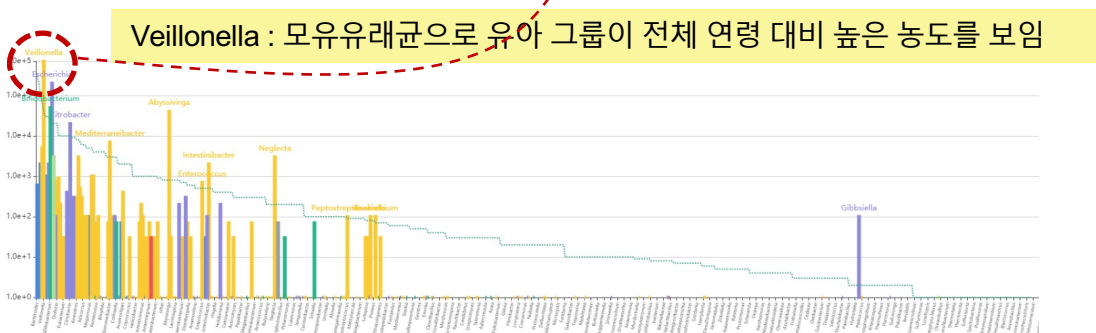
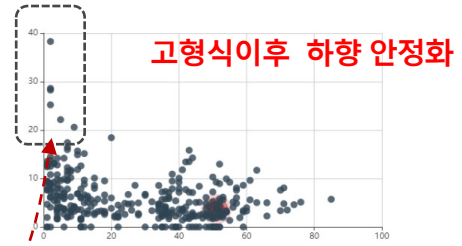
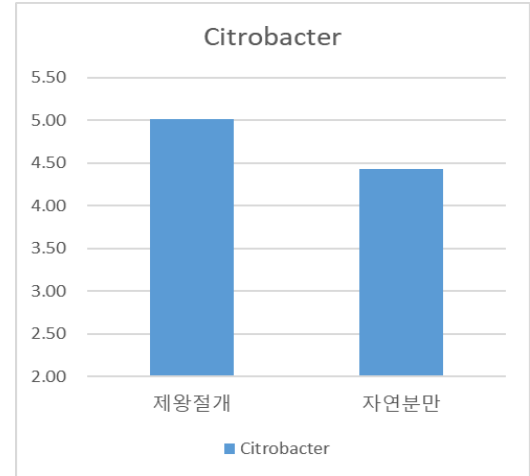
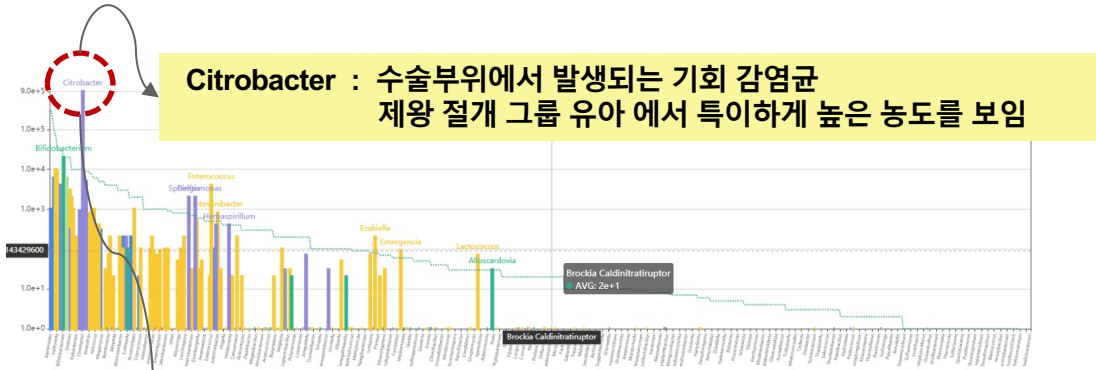


유지되고 있으나 푸조균의 농도가 유지



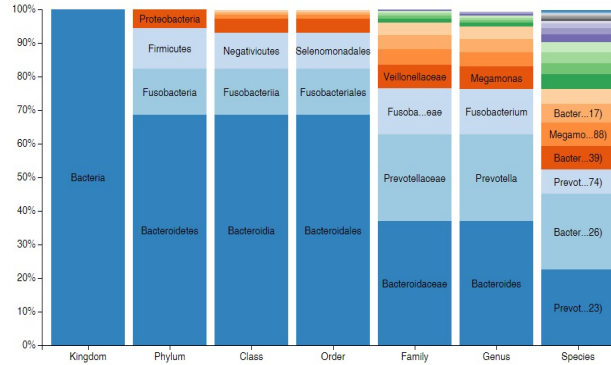
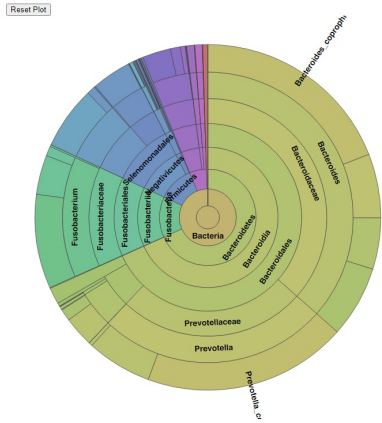
분석 사례 : 영아그룹의 특이균종 확인

전연령의 Mass Data를 대조군으로 분석하여 유아 시기의 특이한 균의 분포를 확인.



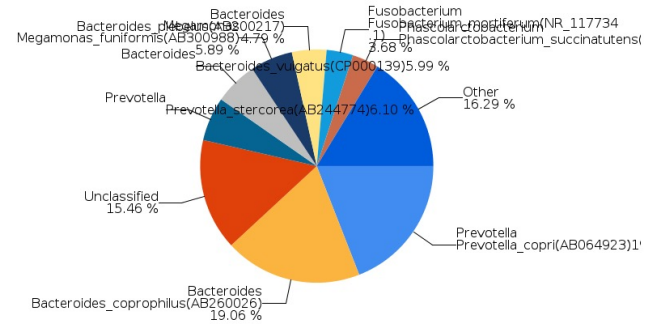
사례분석 - 대장 용종 [기존 분석과 비교]

기존의 Microbiome 분석법에서는 균종 간 농도 분포의 차이를 확인하는 방법으로 낮은 농도의 특이균의 이상 분포를 확인하기 어려움



Level별 농도 분포 [종속과목강문계)

Top Species Classification Results



Major Species classification

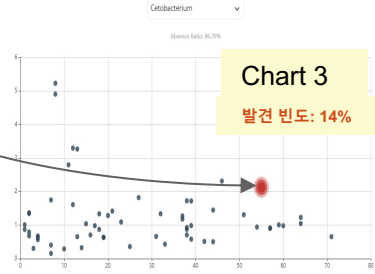
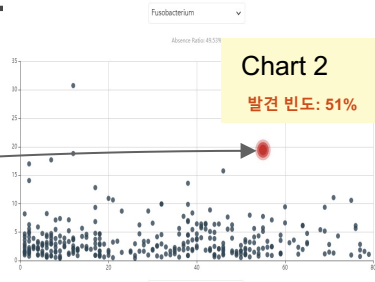
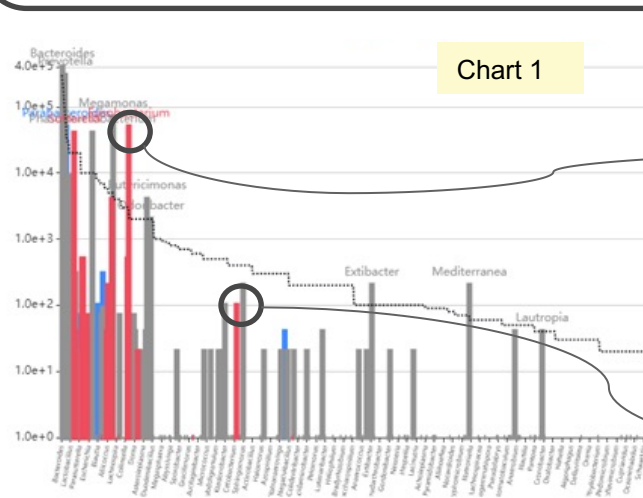


Chart 1에서 확인된 특이균의 이상분포를 Chart2,3에서 나이별 산포 분석을 통해 확인.

- Fusobacterium, Cetobacterium의 이상 분포 확인
- 대장내시경 검사로 용종 확인 (1cm 미만 2개 제거)

- * Fusobacterium은 대장암의 발생과 연관성이 보고된 유해균.
- * Cetobacterium은 열대 물고기 내장세균
- ➔ 공통적으로 항생제 내성균

* 채식 및 회와 술을 좋아하고 적절한 운동 및 체중 조절로 건강에 이상이 없다고 믿는 50대 중년 남의 Case

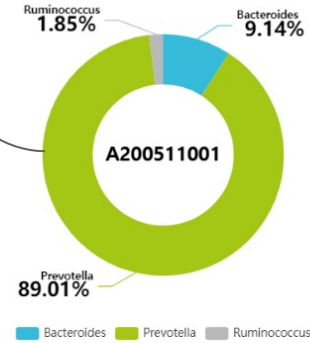
분석 사례 :치과를 다녀온 60대 중년

무심코 복용하는 항생제를 비롯한 각종 투약은 장내 미생물 균형에 큰 영향을 미칠 수 있다.

> Prevotella의 급격한 감소, Citrobacter의 증가

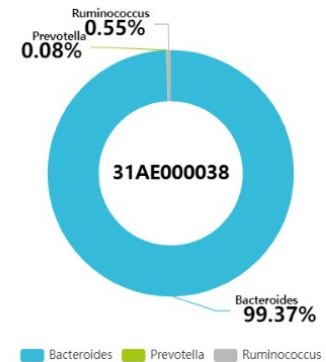
당뇨 유병자로서 당뇨병 치료중.

- 채식위주의 식단과 운동으로 건강을 유지
- Prevotella 비율 89% 로 과점.



치주염으로 인한 치과 치료 이후 .

- Prevotella의 감소와 Citrobacter의 증가 확인

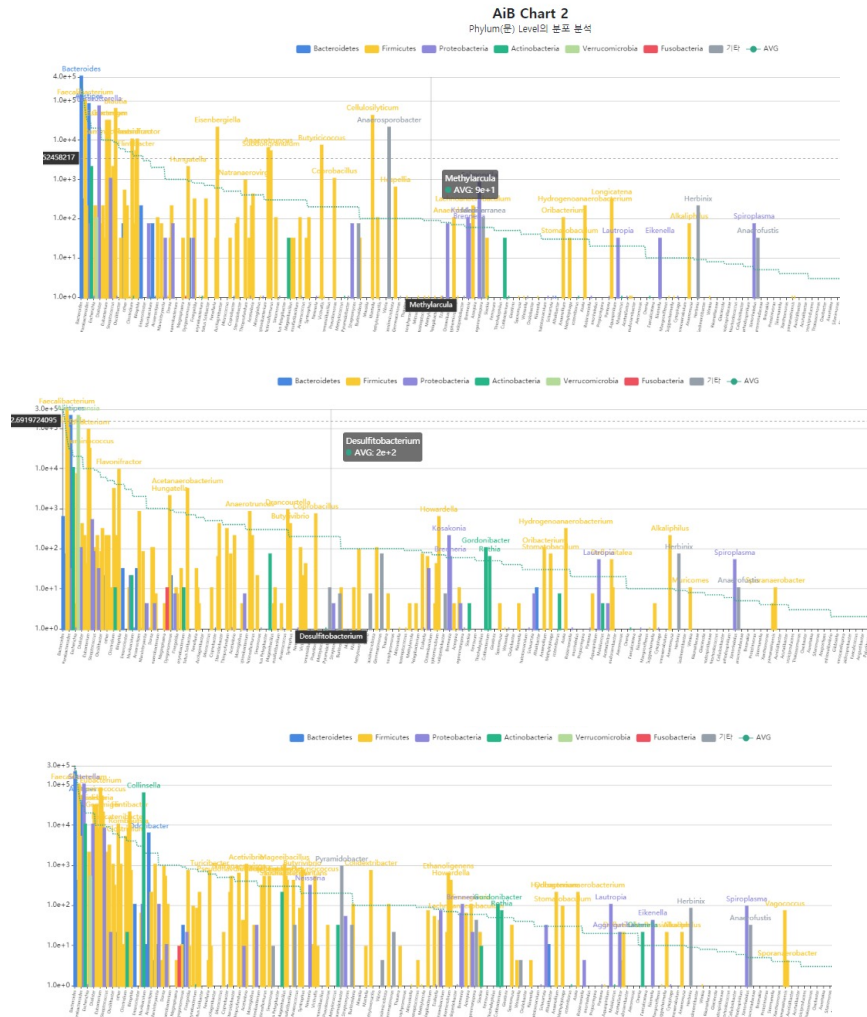


- 치과에서 처방하는 항생제의 경우 prevotella에 매우 민감한 편 . Prevotella intermedia와 Prevotella nigrescens는 치주감염균
- Citrobacter는 수술환부에서 발생하는 기회 감염균.

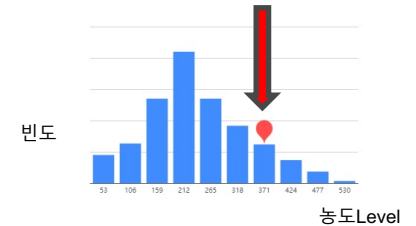
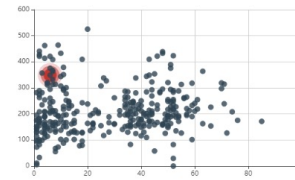
알레르기 환자 10명중 7명에 Firmicutes의 치우침이 확인됨

아토피 알러지 환자의 공통점은

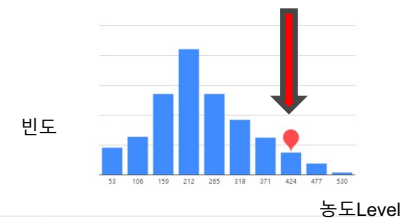
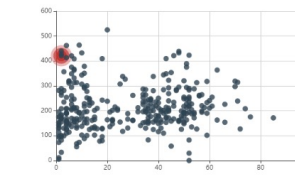
1. 다양성이 높은 편
2. Firmicutes 문의 농도 Level이 높음. 세부균종의 Specific분포는 지속적으로 확인해야함.



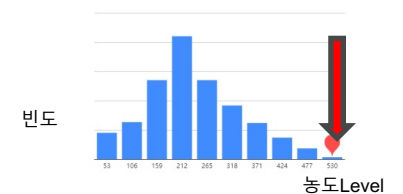
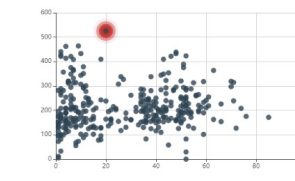
6세 남 정상체중, 기름진음식 선호, Firmicutes 높은편



2세 남 정상체중, Firmicutes 높은편, fuso균도 있음



20세 여 과체중, Firmicutes 매우높은편, fuso균도 있음



Meconium
&

