

Figura 7 (Tabla 5)

MET-2 (40 cepas en total):	MET-2A (23 cepas en total):	MET-2B (30 cepas en total):
Contiene al menos 13 (32,5 %) cepas bacterianas Gram negativas	Contiene al menos 7 (30,4 %) cepas bacterianas Gram negativas	Contiene al menos 11 (36,7 %) cepas bacterianas Gram negativas
Contiene al menos 27 (67,5 %) cepas bacterianas Gram positivas	Contiene al menos 14 (60,8 %) cepas bacterianas Gram positivas	Contiene al menos 17 (56,7 %) cepas bacterianas Gram positivas
Contiene 28 (70 %) cepas bacterianas dentro del filo Firmicutes	Contiene 17 (74 %) cepas bacterianas dentro del filo Firmicutes	Contiene 21 (70 %) cepas bacterianas dentro del filo Firmicutes
Contiene 6 (15 %) cepas bacterianas dentro del filo Bacteroidetes	Contiene 2 (8,7 %) cepas bacterianas dentro del filo Bacteroidetes	Contiene 5 (16,7 %) cepas bacterianas dentro del filo Bacteroidetes
Contiene 3 (7,5 %) cepas bacterianas dentro del filo Actinobacteria	Contiene 2 (8,7 %) cepas bacterianas dentro del filo Actinobacteria	Contiene 3 (10 %) cepas bacterianas dentro del filo Actinobacteria
Contiene 1 (2,5 %) cepas bacterianas dentro del filo Verrucomicrobia	Contiene 1 (4,3 %) cepas bacterianas dentro del filo Verrucomicrobia	Contiene 1 (3,3 %) cepas bacterianas dentro del filo Verrucomicrobia
Contiene 1 (2,5 %) cepas bacterianas dentro del filo Proteobacteria	Contiene 1 (4,3 %) cepas bacterianas dentro del filo Proteobacteria	Contiene 9 (30 %) cepas bacterianas dentro de la familia Lachnospiraceae
Contiene 20 (50 %) cepas bacterianas dentro de la familia Lachnospiraceae	Contiene 10 (43,5 %) cepas bacterianas dentro de la familia Lachnospiraceae	Contiene 2 (6,7 %) cepas bacterianas dentro de la familia Bacteroidaceae
Contiene 3 (7,5 %) cepas bacterianas dentro de la familia Bacteroidaceae	Contiene 3 (7,5 %) cepas bacterianas dentro de la familia Bacteroidaceae	Contiene 2 (6,7 %) cepas bacterianas dentro de la familia Bifidobacteriaceae
Contiene 2 (5 %) cepas bacterianas dentro de la familia Bifidobacteriaceae	Contiene 1 (4,3 %) cepas bacterianas dentro de la familia Bifidobacteriaceae	Contiene 2 (6,7 %) cepas bacterianas dentro de la familia Porphyromonadaceae
Contiene 3 (7,5 %) cepas bacterianas dentro de la familia Porphyromonadaceae	Contiene 1 (4,3 %) cepas bacterianas dentro de la familia Porphyromonadaceae	Contiene 7 (23,3 %) cepas bacterianas dentro de la familia Ruminococcaceae
Contiene 3 (7,5 %) cepas bacterianas dentro de la familia Ruminococcaceae	Contiene 3 (13 %) cepas bacterianas dentro de la familia Ruminococcaceae	Contiene 2 (6,7 %) cepas bacterianas dentro de la familia Acidaminococcaceae
Contiene 2 (5 %) cepas bacterianas dentro de la familia Acidaminococcaceae	Contiene 2 (8,7 %) cepas bacterianas dentro de la familia Acidaminococcaceae	Contiene al menos 26 (86,6 %) cepas bacterianas que son obligadas/especies estrictamente anaeróbicas
Contiene al menos 35 (87,5 %) cepas bacterianas que son obligadas/especies estrictamente anaeróbicas	Contiene al menos 20 (87 %) cepas bacterianas que son obligadas/especies estrictamente anaeróbicas	Contiene al menos 3 (10 %) cepas bacterianas que son especies que forman esporas
Contiene al menos 4 (10 %) cepas bacterianas que son especies que forman esporas	Contiene al menos 3 (13 %) cepas bacterianas que son especies que forman esporas	Contiene al menos 6 (20 %) cepas bacterianas que son especies móviles
Contiene al menos 4 (10 %) cepas bacterianas que son especies móviles	Contiene al menos 2 (8,7 %) cepas bacterianas que son especies móviles	Contiene al menos 22 (73,3 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de esporulación definitiva (de análisis genómico in silico de 40 cepas)
Contiene al menos 27 (67,5 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de esporulación definitiva (de análisis genómico in silico de 40 cepas)	Contiene al menos 16 (69,6 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de esporulación definitiva (de análisis genómico in silico de 40 cepas)	Contiene al menos 6 (20 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de motilidad y quimiotaxis (de análisis genómico in silico de 40 cepas)
Contiene al menos 11 (27,5 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de motilidad y quimiotaxis (de análisis genómico in silico de 40 cepas)	Contiene al menos 6 (26 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de motilidad y quimiotaxis (de análisis genómico in silico de 40 cepas)	Contiene al menos 21 (70 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de hidrólisis de ácido biliar (de análisis genómico in silico de 40 cepas)
Contiene al menos 26 (65 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de hidrólisis de ácido biliar (de análisis genómico in silico de 40 cepas)	Contiene al menos 14 (60,8 %) cepas bacterianas que poseen genes con comentarios de hidrólisis de ácido biliar (de análisis genómico in silico de 40 cepas)	