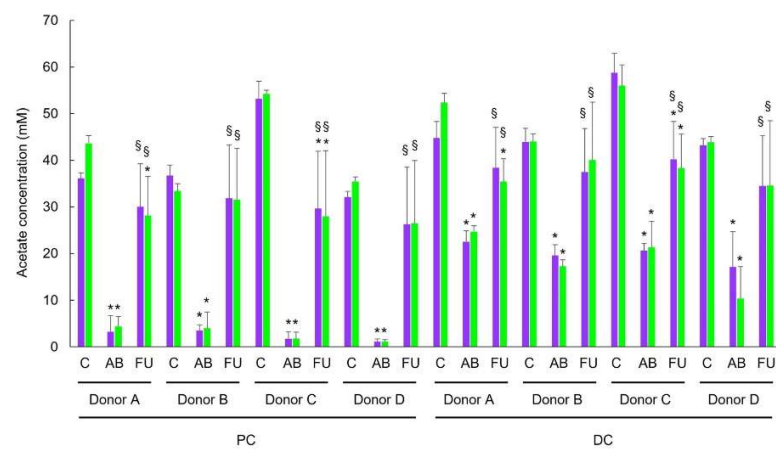


Supplementary Materials

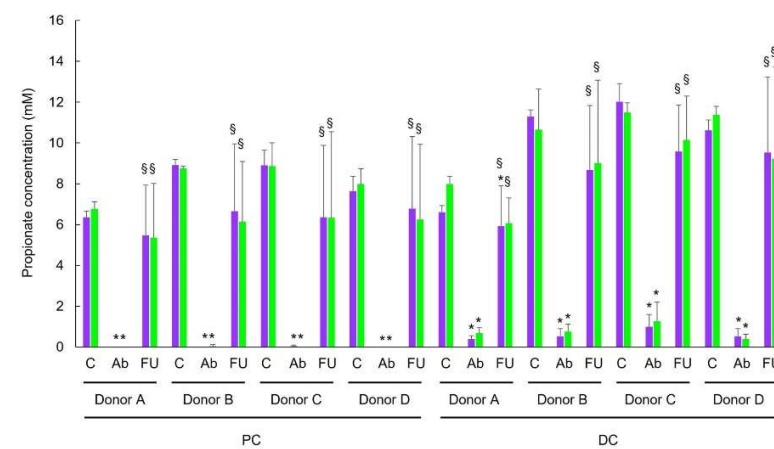
A Spore-Based Probiotic Containing Five Strains of Bacillus Had No Notable Effect on the Recovery of the Activity and Composition of the Baby Gut Microbiota Following Antibiotic Treatment in an In Vitro Model

Marzorati et al.

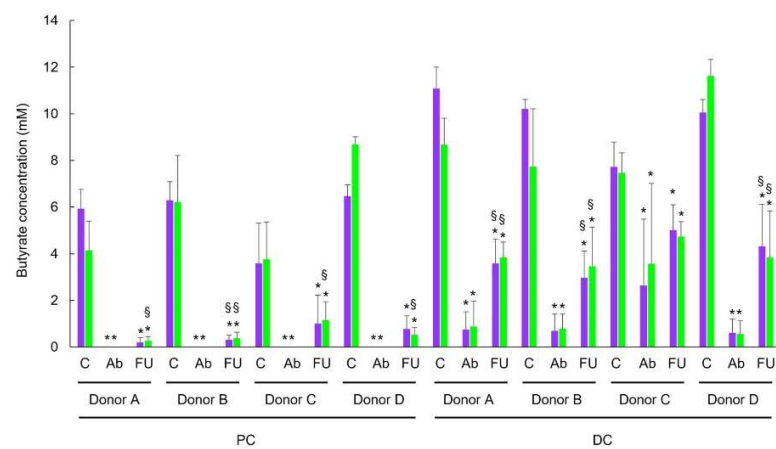
Figure S1. Changes in acetate (a), propionate (b), butyrate (c), and lactate (d) over the control (n = 3), antibiotic (n = 3; final timepoint), and follow up (n = 6) periods for pooled donors. Purple bars represent untreated chambers and green bars represent chambers treated with MegaSporeBiotic™. Levels in the AB and FU periods were compared to the control period and levels in the AB period were compared to the FU period using a two-tailed homoscedastic t-test; comparisons between the untreated versus treated groups were made using a two-tailed paired t-test. * indicates a significant ($p < 0.05$) difference versus the control period, § indicates a significant ($p < 0.05$) difference for the AB period versus the FU period, # indicates a significant ($p < 0.05$) difference for untreated versus treated. AB, antibiotic period; C, control period; DC = distal colon; FU, follow-up period; PC = proximal colon.



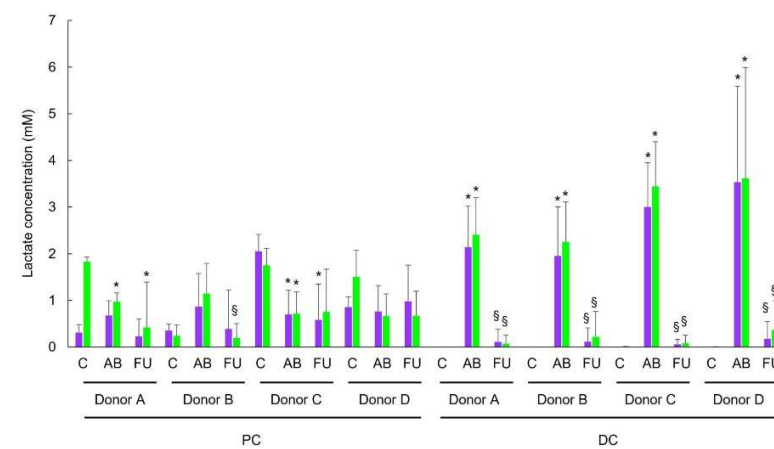
(a)



(b)



(c)



(d)

Table S1. Absolute abundance (log cells/mL) for different phyla in the lumen for each individual donor.

	PC						DC					
	Untreated			Treated			Untreated			Treated		
	C	AB	FU	C	AB	FU	C	AB	FU	C	AB	FU
Donor A												
Actinobacteria	8.64	7.93	8.40	8.39	7.82	8.47	8.19	7.60	8.27	8.17	7.54	8.23
Bacteroidetes	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Firmicutes	8.19	7.85	8.45	8.05	7.46	8.29	8.62	7.53	8.70	8.52	7.48	8.59
Proteobacteria	7.56	7.99	7.70	7.34	8.16	7.73	7.48	8.22	7.79	7.36	8.31	7.78
Verrucomicrobia	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.78	<LOQ	7.03	7.39	6.29	7.35
Donor B												
Actinobacteria	8.37	7.86	8.50	8.36	7.89	8.50	8.10	7.40	8.26	8.17	7.63	8.14
Bacteroidetes	7.68	6.80	7.86	7.79	7.00	7.88	8.24	6.42	8.18	8.26	6.68	8.26
Firmicutes	8.13	7.73	8.18	8.23	7.83	8.34	8.54	7.33	8.81	8.66	7.65	8.87
Proteobacteria	7.25	7.81	7.83	7.34	8.00	7.34	7.31	8.06	7.70	7.50	8.01	7.46
Verrucomicrobia	<LOQ	<LOQ	6.73	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.25	<LOQ	6.54	6.29	<LOQ	6.68
Donor C												
Actinobacteria	8.51	8.01	8.60	8.53	7.78	8.49	8.34	7.70	8.23	8.32	7.89	8.33
Bacteroidetes	7.89	7.00	8.11	7.73	6.82	7.93	8.34	6.71	8.27	8.12	7.22	8.23
Firmicutes	7.98	7.60	8.16	7.91	7.45	8.01	8.63	7.00	8.73	8.54	7.35	8.71
Proteobacteria	6.89	7.76	7.18	7.08	7.73	7.57	7.50	7.73	7.57	7.46	7.86	7.68
Verrucomicrobia	6.63	6.16	6.97	6.79	6.13	6.88	6.06	5.79	6.29	6.46	6.26	6.27
Donor D												
Actinobacteria	8.53	7.71	8.44	8.59	7.77	8.48	8.31	7.73	8.21	8.41	7.69	8.27
Bacteroidetes	7.62	6.25	8.02	7.49	6.17	7.82	8.43	7.19	8.26	8.44	6.57	8.35
Firmicutes	8.06	7.47	8.18	7.97	7.48	8.25	8.61	7.28	8.77	8.59	7.31	8.73
Proteobacteria	7.11	7.74	7.51	6.21	7.61	7.29	7.54	7.51	7.69	7.50	7.26	7.68
Verrucomicrobia	6.47	<LOQ	7.12	6.25	<LOQ	6.94	7.22	5.99	6.70	7.10	<LOQ	7.12

LOQ, limit of quantification.

Table S2. Proportional abundance (%) for different phyla in the mucus for each individual donor.

	PC						DC					
	Control			Treatment			Control			Treatment		
	C	AB	FU	C	AB	FU	C	AB	FU	C	AB	FU
Donor A												
Actinobacteria	36%	48%	28%	37%	39%	43%	16%	22%	18%	16%	21%	26%
Bacteroidetes	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Firmicutes	62%	43%	50%	60%	31%	44%	82%	37%	74%	79%	38%	68%
Proteobacteria	2%	9%	22%	3%	30%	13%	2%	41%	7%	3%	39%	5%
Verrucomicrobia	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	1%	1%
Donor B												
Actinobacteria	26%	36%	35%	26%	25%	28%	10%	17%	12%	11%	18%	9%
Bacteroidetes	18%	9%	14%	18%	8%	17%	17%	1%	13%	17%	2%	17%
Firmicutes	52%	37%	30%	55%	36%	41%	71%	50%	69%	71%	43%	71%
Proteobacteria	4%	18%	21%	1%	32%	14%	2%	32%	6%	1%	38%	3%
Verrucomicrobia	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Donor C												
Actinobacteria	30%	40%	42%	38%	45%	38%	9%	19%	18%	13%	35%	17%
Bacteroidetes	26%	17%	23%	23%	17%	22%	28%	12%	22%	27%	13%	26%
Firmicutes	39%	21%	21%	35%	26%	23%	58%	33%	50%	55%	42%	52%
Proteobacteria	2%	20%	13%	2%	10%	15%	4%	35%	9%	3%	9%	5%
Verrucomicrobia	2%	2%	1%	2%	2%	2%	0%	1%	0%	2%	1%	0%
Donor D												
Actinobacteria	22%	47%	40%	28%	55%	29%	10%	33%	15%	11%	34%	14%
Bacteroidetes	27%	6%	15%	22%	7%	16%	27%	7%	16%	28%	7%	22%
Firmicutes	37%	26%	27%	48%	28%	32%	56%	38%	57%	56%	37%	53%
Proteobacteria	12%	21%	15%	1%	10%	21%	7%	21%	12%	4%	22%	9%
Verrucomicrobia	2%	1%	3%	1%	0%	2%	0%	1%	0%	1%	0%	2%

LOQ, limit of quantification.

Table S3. Absolute abundance (log cells/mL) for different bacterial families in the lumen for each individual donor.

	PC						DC					
	Control			Treatment			Control			Treatment		
	C	AB	FU	C	AB	FU	C	AB	FU	C	AB	FU
Donor A												
Actinobacteria												
<i>Bifidobacteriaceae</i>	8.63	7.92	8.39	8.38	7.80	8.46	8.14	7.59	8.21	8.13	7.52	8.18
<i>Coriobacteriaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Eggerthellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.43	<LOQ	<LOQ	6.51	7.17	<LOQ	7.34	7.05	6.13	7.24
<i>Microbacteriaceae</i>	6.15	6.44	<LOQ	6.20	6.37	6.34	5.84	6.03	<LOQ	6.11	6.11	6.12
Bacteroidetes												
<i>Bacteroidaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Bacteroidales_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Barnesiellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Odoribacteraceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Rikenellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Tannerellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Firmicutes												
<i>Aerococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Bacillaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.18	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.86
<i>Carnobacteriaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Catabacteriaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Clostridia_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	6.75	5.85	<LOQ	6.34	7.59	7.17	7.47	7.48	6.55	7.37
<i>Clostridiaceae</i>	7.58	7.34	7.82	7.14	6.91	7.40	7.84	7.04	7.81	7.72	6.87	7.83
<i>Clostridiales_u_f</i>	6.36	6.03	6.94	6.41	5.80	7.01	7.67	6.36	7.95	7.62	6.10	7.84
<i>Coprobacillaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.91	6.27	<LOQ	6.61	6.20	<LOQ	6.22
<i>Enterococcaceae</i>	6.77	6.31	6.16	6.25	<LOQ	<LOQ	6.44	<LOQ	6.46	6.45	5.81	5.80
<i>Erysipelotrichaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.36	<LOQ	<LOQ	6.17	7.88	6.96	7.58	7.77	6.79	7.29
<i>Eubacteriaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.44	5.95	7.22	6.54	<LOQ	6.61
<i>Firmicutes_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.77	<LOQ	<LOQ	6.72	<LOQ	<LOQ
<i>Lachnospiraceae</i>	7.90	7.61	8.17	7.81	7.22	8.07	8.06	7.08	8.30	7.91	7.07	8.20
<i>Lactobacillaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Oscillospiraceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Peptococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.76	<LOQ	<LOQ	6.72	<LOQ	<LOQ
<i>Peptoniphilaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.91	5.93	<LOQ	<LOQ	5.76	<LOQ
<i>Peptostreptococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.31	<LOQ	<LOQ	6.43	7.31	6.75	7.11	7.19	6.61	6.96
<i>Ruminococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.64	7.02	6.65	6.50	7.31	<LOQ	7.54	7.29	6.58	7.31
<i>Selenomonadaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Streptococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Tissierella_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Veillonellaceae</i>	7.47	6.61	7.59	7.23	6.55	7.51	7.17	6.53	7.11	6.96	6.18	7.12
Proteobacteria												
<i>Alcaligenaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.15	6.36	6.85	6.60	<LOQ	5.76	6.08	6.29	6.60	6.42
<i>Burkholderiaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Burkholderiales_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Caulobacteraceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.15	6.56	6.65	5.96	6.32	6.57
<i>Comamonadaceae</i>	7.12	7.25	5.91	7.01	7.08	5.98	7.16	7.30	7.10	7.07	7.23	7.03
<i>Desulfovibrionaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	7.31	<LOQ	<LOQ	7.31
<i>Enterobacteriaceae</i>	6.59	6.97	7.47	6.28	7.45	7.07	6.46	7.94	7.25	6.27	8.17	6.75

<i>Erwiniaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Moraxellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Morganellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Phyllobacteriaceae</i>	<LOQ	5.98	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Pseudomonadaceae</i>	5.95	6.77	6.82	6.86	7.62	7.32	6.52	6.97	6.79	6.77	7.33	7.19
<i>Sphingomonadaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Sutterellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Xanthomonadaceae</i>	7.25	7.78	7.05	6.39	7.24	7.19	6.93	7.45	6.69	<LOQ	6.93	6.92
Verrucomicrobia												
<i>Akkermansiaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.78	<LOQ	7.03	7.39	6.29	7.35
Donor B												
Actinobacteria												
<i>Bifidobacteriaceae</i>	8.37	7.85	8.49	8.36	7.88	8.49	8.06	7.39	8.22	8.14	7.61	8.10
<i>Coriobacteriaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.14	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.09	<LOQ	6.45
<i>Eggerthellaceae</i>	6.06	<LOQ	6.83	6.09	5.91	6.92	7.03	5.98	7.21	6.91	6.11	6.99
<i>Microbacteriaceae</i>	<LOQ	6.27	<LOQ	6.03	6.36	<LOQ	5.82	<LOQ	<LOQ	6.05	6.05	<LOQ
Bacteroidetes												
<i>Bacteroidaceae</i>	7.65	6.80	7.86	7.74	7.00	7.84	8.02	6.41	7.94	8.03	6.68	8.06
<i>Bacteroidales_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Barnesiellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Odoribacteraceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Rikenellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.48	7.62	<LOQ	7.37	7.68	<LOQ	7.46
<i>Tannerellaceae</i>	6.52	<LOQ	5.97	6.83	<LOQ	6.62	7.43	<LOQ	7.59	7.45	<LOQ	7.56
Firmicutes												
<i>Aerococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Bacillaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.22	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.91
<i>Carnobacteriaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Catabacteriaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Clostridia_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	7.42	6.80	7.41	7.56	7.04	7.46
<i>Clostridiaceae</i>	6.32	<LOQ	7.22	6.75	<LOQ	6.69	7.49	6.84	7.60	7.65	7.01	7.85
<i>Clostridiales_u_f</i>	6.73	6.20	6.46	6.69	5.94	7.09	7.53	6.63	7.99	7.61	6.35	7.99
<i>Coprobacillaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.07	<LOQ	<LOQ	6.03	<LOQ	<LOQ	6.19	<LOQ	<LOQ	6.45
<i>Enterococcaceae</i>	6.69	<LOQ	7.10	6.55	<LOQ	7.15	6.67	5.77	7.06	6.64	<LOQ	7.13
<i>Erysipelotrichaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.29	<LOQ	<LOQ	6.42	8.01	6.74	8.09	8.13	7.24	8.12
<i>Eubacteriaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.18	6.02	5.78	7.07	6.27	5.96	7.20
<i>Firmicutes_u_f</i>	6.19	<LOQ	<LOQ	6.49	<LOQ	<LOQ	6.08	<LOQ	<LOQ	6.10	<LOQ	6.00
<i>Lachnospiraceae</i>	7.96	7.68	7.80	8.07	7.79	8.11	7.84	6.96	8.31	7.99	7.40	8.37
<i>Lactobacillaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Oscillospiraceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.81	<LOQ	<LOQ	7.01	<LOQ	7.38
<i>Peptococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.32	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Peptoniphilaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Peptostreptococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.56	6.08	<LOQ	6.70	7.51	6.58	7.62	7.61	6.65	7.59
<i>Ruminococcaceae</i>	6.30	5.82	<LOQ	6.68	<LOQ	6.82	7.33	6.58	7.82	7.35	6.17	7.76
<i>Selenomonadaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Streptococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.27	<LOQ	<LOQ	6.13
<i>Tissierellia_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.89	<LOQ	<LOQ
<i>Veillonellaceae</i>	7.44	6.63	7.68	7.45	6.70	7.58	7.00	6.55	7.38	7.09	6.75	7.17
Proteobacteria												
<i>Alcaligenaceae</i>	6.31	6.76	6.46	<LOQ	6.02	<LOQ	6.18	6.45	6.40	5.90	6.13	5.88
<i>Burkholderiaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ

Burkholderiales_u_f	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Caulobacteraceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Comamonadaceae	6.99	7.11	5.90	7.03	7.20	5.99	6.69	6.94	<LOQ	6.78	7.10	<LOQ
Desulfovibrionaceae	5.92	<LOQ	6.12	<LOQ	<LOQ	6.05	6.67	<LOQ	6.90	6.81	5.91	6.95
Enterobacteriaceae	5.87	6.97	7.73	5.93	6.92	6.96	5.94	7.67	7.32	5.96	7.16	6.34
Erwiniaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Moraxellaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.29	6.68	<LOQ
Morganellaceae	<LOQ	<LOQ	6.09	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.00	6.67	<LOQ	6.40	6.63
Phyllobacteriaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Pseudomonadaceae	5.97	6.94	6.52	<LOQ	7.09	6.50	6.75	7.22	7.05	6.86	7.18	7.03
Sphingomonadaceae	6.59	6.90	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.39	6.56	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Sutterellaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Xanthomonadaceae	<LOQ	6.94	6.69	7.28	7.77	6.81	<LOQ	6.28	6.13	7.19	7.67	6.04
Verrucomicrobia												
Akkermansiaceae	<LOQ	<LOQ	6.73	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.25	<LOQ	6.54	6.29	<LOQ	6.68
Donor C												
Actinobacteria												
Bifidobacteriaceae	8.51	8.01	8.59	8.53	7.78	8.48	8.33	7.69	8.19	8.30	7.87	8.30
Coriobacteriaceae	<LOQ	<LOQ	6.62	<LOQ	<LOQ	6.59	<LOQ	<LOQ	6.41	<LOQ	<LOQ	6.65
Eggerthellaceae	5.82	<LOQ	6.69	6.18	5.76	6.51	6.93	6.74	7.10	6.84	6.68	7.13
Microbacteriaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Bacteroidetes												
Bacteroidaceae	7.65	6.90	7.89	7.48	6.82	7.68	8.02	7.13	7.85	7.72	6.94	7.77
Bacteroidales_u_f	7.53	6.76	7.63	7.37	6.55	7.51	7.71	6.60	7.63	7.47	6.90	7.55
Barnesiellaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Odoribacteraceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Rikenellaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	7.71	<LOQ	7.62	7.60	<LOQ	7.66
Tannerellaceae	<LOQ	<LOQ	6.89	<LOQ	<LOQ	6.84	7.01	<LOQ	7.39	6.99	<LOQ	7.46
Firmicutes												
Aerococcaceae	<LOQ	6.87	<LOQ	<LOQ	6.83	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.21	<LOQ
Bacillaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.91	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.78
Carnobacteriaceae	6.16	7.04	6.29	6.20	6.85	6.11	6.11	6.41	6.08	6.03	6.45	6.05
Catabacteriaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.84
Clostridia_u_f	<LOQ	<LOQ	6.20	<LOQ	<LOQ	6.45	7.67	5.96	7.52	7.46	6.19	7.47
Clostridiaceae	5.78	<LOQ	6.35	<LOQ	<LOQ	6.94	7.59	<LOQ	7.40	7.49	6.25	7.46
Clostridiales_u_f	6.56	<LOQ	7.03	6.57	<LOQ	6.95	7.69	6.25	7.97	7.68	6.44	7.94
Coprobacillaceae	<LOQ	<LOQ	6.25	<LOQ	<LOQ	6.26	<LOQ	<LOQ	6.35	<LOQ	<LOQ	5.82
Enterococcaceae	6.59	6.46	7.12	6.71	6.38	6.84	6.79	5.82	6.86	6.76	6.02	7.03
Erysipelotrichaceae	5.99	<LOQ	6.23	<LOQ	<LOQ	6.27	8.04	6.45	8.04	7.82	6.68	7.96
Eubacteriaceae	6.16	<LOQ	6.23	6.31	<LOQ	<LOQ	6.39	<LOQ	6.67	6.42	5.77	6.73
Firmicutes_u_f	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.06	<LOQ	<LOQ	6.33	<LOQ	5.79
Lachnospiraceae	7.71	7.14	7.93	7.57	6.97	7.65	7.91	6.83	8.20	7.86	6.97	8.21
Lactobacillaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Oscillospiraceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.80	<LOQ	7.30	7.14	<LOQ	7.25
Peptococcaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.12	<LOQ	<LOQ	6.65	<LOQ	<LOQ
Peptoniphilaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Peptostreptococcaceae	<LOQ	<LOQ	6.46	6.10	<LOQ	6.24	7.45	6.49	7.61	7.29	6.45	7.52
Ruminococcaceae	7.11	5.94	6.54	7.11	5.93	6.49	7.59	6.64	7.49	7.66	6.68	7.59
Selenomonadaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Streptococcaceae	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ

<i>Peptoniphilaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Peptostreptococcaceae</i>	5.78	<LOQ	6.22	<LOQ	<LOQ	6.53	6.57	<LOQ	7.23	6.56	<LOQ	6.88
<i>Ruminococcaceae</i>	6.73	5.89	6.19	6.38	6.21	6.94	7.78	6.80	7.78	7.68	6.43	7.76
<i>Selenomonadaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.99	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Streptococcaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.92	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Tissierellia_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Veillonellaceae</i>	7.43	6.00	7.33	7.38	6.07	7.49	7.19	5.82	6.99	7.26	<LOQ	7.19
Proteobacteria												
<i>Alcaligenaceae</i>	<LOQ	6.53	5.85	<LOQ	6.13	<LOQ	6.08	6.24	6.23	5.93	6.08	6.48
<i>Burkholderiaceae</i>	<LOQ	6.45	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.76	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Burkholderiales_u_f</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	6.10	<LOQ	<LOQ
<i>Caulobacteraceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Comamonadaceae</i>	<LOQ	6.05	<LOQ	<LOQ	5.83	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.81
<i>Desulfovibrionaceae</i>	<LOQ	<LOQ	6.30	<LOQ	<LOQ	5.99	6.90	5.92	6.83	6.89	<LOQ	6.95
<i>Enterobacteriaceae</i>	6.76	7.20	7.22	<LOQ	6.63	7.08	6.19	6.58	6.96	<LOQ	<LOQ	6.94
<i>Erwinaceae</i>	<LOQ	5.93	<LOQ	<LOQ	6.27	5.87	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Moraxellaceae</i>	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Morganellaceae</i>	6.61	6.86	6.84	<LOQ	<LOQ	6.55	6.23	6.21	6.69	<LOQ	<LOQ	6.46
<i>Phyllobacteriaceae</i>	<LOQ	6.06	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Pseudomonadaceae</i>	6.18	7.27	6.22	6.11	7.53	6.08	6.93	7.18	6.97	6.88	7.21	6.89
<i>Sphingomonadaceae</i>	<LOQ	6.37	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ	5.96	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
<i>Sutterellaceae</i>	6.04	<LOQ	6.37	<LOQ	<LOQ	<LOQ	7.09	<LOQ	7.06	7.15	<LOQ	6.99
<i>Xanthomonadaceae</i>	<LOQ	<LOQ	5.97	<LOQ	5.81	<LOQ	<LOQ	5.83	<LOQ	<LOQ	<LOQ	<LOQ
Verrucomicrobia												
<i>Akkermansiaceae</i>	6.47	<LOQ	7.12	6.25	<LOQ	6.94	7.22	5.99	6.70	7.10	<LOQ	7.12

LOQ, limit of quantification; u_f, unidentified family.

Table S4. Proportional abundance (%) for different bacterial families in the mucus for each individual donor.

	PC						DC					
	Control			Treatment			Control			Treatment		
	C	AB	FU	C	AB	FU	C	AB	FU	C	AB	FU
Donor A												
Actinobacteria												
Bifidobacteriaceae	36%	48%	27%	36%	39%	41%	14%	21%	15%	14%	20%	22%
Coriobacteriaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Eggerthellaceae	0%	0%	1%	0%	0%	2%	2%	1%	3%	2%	2%	4%
Bacteroidetes												
Bacteroidaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Bacteroidales_u_f	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Barnesiellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Odoribacteraceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Rikenellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Tannerellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Firmicutes												
Aerococcaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Carnobacteriaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Clostridia_u_f	0%	0%	3%	1%	0%	1%	7%	4%	7%	7%	3%	6%
Clostridiaceae	15%	13%	11%	6%	5%	8%	12%	8%	12%	11%	7%	10%
Clostridiales_u_f	1%	1%	2%	2%	1%	4%	9%	1%	9%	11%	2%	11%
Coprobacillaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	1%	0%	0%
Enterococcaceae	2%	1%	1%	1%	0%	0%	1%	0%	1%	1%	0%	0%
Erysipelotrichaceae	0%	0%	2%	0%	0%	1%	14%	10%	11%	13%	8%	7%
Eubacteriaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	2%	2%	0%	3%
Firmicutes_u_f	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%
Lachnospiraceae	28%	25%	24%	30%	20%	22%	22%	10%	21%	21%	13%	24%
Lactobacillaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Oscillospiraceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Peptococcaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	1%	0%	0%
Peptoniphilaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%
Peptostreptococcaceae	0%	0%	1%	0%	0%	1%	4%	3%	3%	4%	2%	2%
Ruminococcaceae	1%	0%	1%	5%	2%	1%	3%	1%	5%	3%	1%	3%
Selenomonadaceae	1%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%
Veillonellaceae	14%	4%	6%	12%	4%	7%	3%	1%	1%	3%	1%	1%
Proteobacteria												
Alcaligenaceae	0%	0%	0%	0%	1%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Burkholderiaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Comamonadaceae	0%	2%	0%	1%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Desulfovibrionaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	2%
Enterobacteriaceae	2%	4%	16%	2%	15%	8%	2%	36%	3%	2%	27%	2%
Morganellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Pseudomonadaceae	0%	1%	4%	1%	11%	4%	0%	4%	2%	1%	12%	1%
Sutterellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Xanthomonadaceae	0%	2%	1%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Verrucomicrobia												
Akkermansiaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	1%	1%
Donor B												

Actinobacteria												
Bifidobacteriaceae	26%	36%	34%	25%	25%	27%	9%	16%	10%	10%	17%	9%
Coriobacteriaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Eggerthellaceae	0%	0%	1%	0%	0%	1%	0%	1%	2%	0%	1%	1%
Bacteroidetes												
Bacteroidaceae	16%	9%	13%	16%	8%	15%	8%	1%	6%	7%	1%	9%
Bacteroidales_u_f	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Barnesiellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Odoribacteraceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Rikenellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	7%	0%	5%	7%	0%	5%
Tannerellaceae	3%	0%	1%	2%	0%	2%	2%	0%	2%	3%	0%	3%
Firmicutes												
Aerococcaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Carnobacteriaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Clostridia_u_f	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5%	3%	4%	5%	1%	3%
Clostridiaceae	3%	2%	4%	2%	2%	2%	7%	5%	6%	6%	4%	6%
Clostridiales_u_f	2%	1%	1%	2%	0%	3%	8%	2%	9%	8%	1%	8%
Coprobaillaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Enterococcaceae	2%	0%	1%	2%	0%	3%	1%	0%	1%	1%	0%	1%
Erysipelotrichaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	20%	17%	15%	20%	14%	18%
Eubacteriaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	2%	1%	0%	2%
Firmicutes_u_f	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Lachnospiraceae	30%	29%	14%	35%	29%	23%	17%	14%	19%	17%	14%	19%
Lactobacillaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Oscillospiraceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	1%	0%	3%
Peptococcaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Peptoniphilaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Peptostreptococcaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	6%	7%	6%	6%	6%	7%
Ruminococcaceae	2%	0%	0%	2%	0%	2%	5%	0%	6%	5%	0%	4%
Selenomonadaceae	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Veillonellaceae	12%	5%	7%	12%	4%	8%	2%	1%	1%	1%	1%	1%
Proteobacteria												
Alcaligenaceae	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%
Burkholderiaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Comamonadaceae	0%	2%	0%	0%	2%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%
Desulfovibrionaceae	1%	0%	1%	0%	0%	1%	1%	0%	1%	1%	0%	1%
Enterobacteriaceae	1%	13%	13%	0%	17%	11%	0%	13%	2%	0%	12%	1%
Morganellaceae	0%	0%	2%	0%	0%	1%	0%	0%	1%	0%	0%	0%
Pseudomonadaceae	1%	2%	5%	0%	12%	1%	1%	17%	2%	0%	25%	0%
Sutterellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Xanthomonadaceae	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Verrucomicrobia												
Akkermansiaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Donor C												
Actinobacteria												
Bifidobacteriaceae	30%	39%	41%	37%	45%	37%	8%	17%	16%	12%	31%	15%
Coriobacteriaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Eggerthellaceae	0%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	2%	2%	1%	4%	3%

Bacteroidetes												
Bacteroidaceae	15%	9%	14%	13%	10%	12%	11%	4%	9%	11%	4%	10%
Bacteroidales_u_f	11%	8%	8%	10%	7%	8%	7%	4%	5%	8%	4%	6%
Barnesiellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Odoribacteraceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Rikenellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	7%	2%	6%	7%	2%	7%
Tannerellaceae	0%	0%	1%	0%	0%	2%	2%	2%	2%	2%	3%	3%
Firmicutes												
Aerococcaceae	0%	2%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Carnobacteriaceae	0%	2%	1%	0%	2%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Clostridia_u_f	0%	0%	0%	0%	0%	1%	5%	2%	4%	4%	3%	4%
Clostridiaceae	0%	0%	1%	2%	0%	2%	5%	3%	3%	5%	4%	4%
Clostridiales_u_f	2%	1%	2%	3%	1%	3%	7%	2%	9%	7%	3%	8%
Coprobacillaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Enterococcaceae	1%	2%	1%	1%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Erysipelotrichaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	11%	8%	10%	9%	11%	10%
Eubacteriaceae	3%	0%	0%	2%	0%	0%	1%	0%	1%	1%	0%	1%
Firmicutes_u_f	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	1%	0%	0%
Lachnospiraceae	19%	10%	11%	15%	15%	10%	17%	11%	15%	18%	12%	17%
Lactobacillaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Oscillospiraceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	1%	0%	1%
Peptococcaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Peptoniphilaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Peptostreptococcaceae	0%	0%	0%	0%	0%	1%	3%	2%	3%	3%	3%	3%
Ruminococcaceae	5%	1%	1%	5%	2%	2%	4%	3%	4%	4%	4%	3%
Selenomonadaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Veillonellaceae	8%	3%	3%	7%	3%	3%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
Proteobacteria												
Alcaligenaceae	0%	1%	1%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%
Burkholderiaceae	0%	6%	0%	0%	5%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%
Comamonadaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Desulfovibrionaceae	0%	0%	2%	0%	0%	1%	1%	0%	1%	1%	0%	1%
Enterobacteriaceae	1%	2%	9%	0%	2%	10%	0%	20%	2%	0%	5%	1%
Morganellaceae	0%	0%	0%	0%	1%	3%	1%	0%	0%	0%	0%	0%
Pseudomonadaceae	0%	11%	1%	0%	2%	1%	1%	12%	5%	1%	3%	1%
Sutterellaceae	1%	0%	0%	1%	0%	1%	1%	0%	1%	1%	1%	1%
Xanthomonadaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Verrucomicrobia												
Akkermansiaceae	2%	2%	1%	2%	2%	2%	0%	1%	0%	2%	1%	0%
Donor D												
Actinobacteria												
Bifidobacteriaceae	21%	45%	39%	28%	54%	28%	10%	31%	13%	10%	33%	12%
Coriobacteriaceae	1%	1%	0%	0%	2%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%
Eggerthellaceae	0%	0%	1%	0%	0%	1%	0%	2%	2%	0%	0%	2%
Bacteroidetes												
Bacteroidaceae	17%	4%	10%	15%	4%	12%	15%	4%	10%	15%	3%	15%
Bacteroidales_u_f	5%	2%	3%	5%	3%	3%	5%	2%	3%	6%	3%	3%
Barnesiellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	1%	0%	0%
Odoribacteraceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	1%	1%	0%	1%
Rikenellaceae	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	2%	2%	0%	2%

<i>Tannerellaceae</i>	5%	0%	1%	2%	0%	1%	3%	1%	1%	3%	0%	2%
Firmicutes												
<i>Aerococcaceae</i>	0%	3%	0%	0%	4%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
<i>Carnobacteriaceae</i>	0%	3%	1%	0%	4%	1%	0%	1%	0%	0%	1%	0%
<i>Clostridia_u_f</i>	0%	0%	0%	1%	0%	0%	2%	1%	5%	2%	1%	3%
<i>Clostridiaceae</i>	2%	0%	2%	1%	1%	2%	4%	3%	5%	3%	5%	6%
<i>Clostridiales_u_f</i>	6%	1%	2%	5%	1%	4%	10%	4%	8%	10%	4%	11%
<i>Coprobacillaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
<i>Enterococcaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
<i>Erysipelotrichaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	4%	2%	12%	4%	1%	6%
<i>Eubacteriaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	1%	1%	1%	0%	1%
<i>Firmicutes_u_f</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
<i>Lachnospiraceae</i>	19%	15%	12%	27%	15%	13%	22%	19%	14%	24%	20%	16%
<i>Lactobacillaceae</i>	0%	0%	4%	1%	0%	5%	0%	1%	0%	0%	0%	0%
<i>Oscillospiraceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	4%	0%	3%	1%	0%	2%
<i>Peptococcaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
<i>Peptoniphilaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
<i>Peptostreptococcaceae</i>	0%	0%	1%	0%	0%	0%	1%	1%	3%	1%	0%	2%
<i>Ruminococcaceae</i>	3%	1%	1%	3%	0%	2%	7%	4%	4%	6%	4%	5%
<i>Selenomonadaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	1%	1%	0%	0%
<i>Veillonellaceae</i>	6%	1%	2%	10%	2%	5%	1%	1%	1%	1%	0%	1%
Proteobacteria												
<i>Alcaligenaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
<i>Burkholderiaceae</i>	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%
<i>Comamonadaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
<i>Desulfovibrionaceae</i>	1%	0%	2%	0%	0%	1%	1%	0%	1%	1%	0%	2%
<i>Enterobacteriaceae</i>	9%	3%	11%	0%	1%	18%	2%	12%	3%	1%	0%	6%
<i>Morganellaceae</i>	1%	2%	2%	0%	0%	1%	1%	0%	1%	0%	0%	0%
<i>Pseudomonadaceae</i>	1%	14%	0%	0%	9%	0%	1%	5%	4%	0%	20%	1%
<i>Sutterellaceae</i>	1%	0%	1%	1%	0%	0%	1%	0%	1%	2%	0%	1%
<i>Xanthomonadaceae</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Verrucomicrobia												
<i>Akkermansiaceae</i>	2%	1%	3%	1%	0%	2%	0%	1%	0%	1%	0%	2%

LOQ, limit of quantification; u_f, unidentified family.