

S1 Table. Coordinates and Cosine square (Cos²) of variables on F1 and F2 axes.

Variables*	Coordinates		Cos ²		
	F1	F2	F1	F2	F1 + F2
Ge	-0.47	0.59	0.22	0.34	0.56
Ha1	-0.65	0.67	0.43	0.45	0.87
Sta	-0.51	-0.57	0.26	0.33	0.58
Pre1	0.74	0.37	0.54	0.14	0.68
Str1	0.16	-0.04	0.02	0.00	0.03
Pept	0.78	0.18	0.60	0.03	0.64
Str2	0.54	0.48	0.29	0.23	0.53
Neis1	-0.65	0.69	0.43	0.47	0.90
Fus1	0.44	0.47	0.19	0.22	0.42
Rot1	0.56	0.21	0.31	0.04	0.35
Vei1	-0.34	0.89	0.11	0.79	0.90
Por1	0.62	0.28	0.38	0.08	0.46
Neis2	-0.70	0.67	0.50	0.45	0.94
Pre2	0.90	0.29	0.81	0.09	0.89
Rot2	0.52	0.27	0.27	0.07	0.35
Str3	-0.57	0.28	0.32	0.08	0.40
Other	-0.27	-0.62	0.07	0.38	0.45
qPCR	-0.63	0.07	0.39	0.00	0.40
FEV1	0.72	0.15	0.51	0.02	0.53
Chao1	-0.32	0.46	0.10	0.21	0.32
ObsSp	-0.34	0.56	0.11	0.32	0.43
Shan	0.18	0.68	0.03	0.47	0.50
PDwt	-0.10	0.50	0.01	0.25	0.26

*Relative abundance of:

Ge: *Gemella*

Ha1: *Haemophilus*1

Sta: *Staphylococcus aureus*

Pre1: *Prevotella* 1

Str1: *Streptococcus* 1 (*S. mitis* group)

Pept: *Peptostreptococcus*

Str2: *Streptococcus* 2 (*S. salivarius* group)

Neis1: *Neisseria* 1

Fus1: *Fusobacterium* 1

Rot1: *Rothia* 1

Vei1: *Veillonella* 1

Por1: *Pophyromonas* 1

Neis2: *Neisseria* 2

Pre2: *Prevotella* 2

Rot2: *Rothia* 2

Str3: *Streptococcus* 3 (*S. anginosus* group)

Other: OTUs not included in core microbiota

ObsSp: Observed species

Shan: Shannon

PDwt: Phylogenetic diversity whole tree