

S3 Table. Correlation (Spearman test) between relative abundance of OTUs belonging to the major core microbiota and qPCR results.

	Ge	Ha1	Sta	Pre1	Str1	Pept	Str2	Neis1	Fus1	Rot1	Vei1	Por1	Neis2	Pre2	Rot2	Str3	Oth	qPCR
Ge	1	0.46	-0.06	0.20	0.22	-0.12	0.14	0.41	0.09	0.03	0.70	-0.29	0.46	-0.22	0.06	0.49	-0.15	0.07
Ha1	0.46	1	-0.29	-0.44	-0.44	-0.14	-0.22	0.93	0.00	-0.41	0.69	0.15	0.90	-0.38	-0.38	0.20	-0.11	0.64
Sta	-0.06	-0.29	1	-0.04	0.19	-0.55	-0.21	-0.22	-0.31	-0.39	-0.37	-0.46	-0.10	-0.35	-0.34	0.08	0.50	-0.16
Pre1	0.20	-0.44	-0.04	1	0.34	0.25	0.65	-0.41	0.28	0.53	0.23	-0.05	-0.33	0.61	0.58	-0.03	-0.19	-0.76
Str1	0.22	-0.44	0.19	0.34	1	-0.10	0.29	-0.47	-0.11	0.40	-0.06	-0.44	-0.42	0.14	0.39	0.56	-0.26	-0.42
Pept	-0.12	-0.14	-0.55	0.25	-0.10	1	0.12	-0.25	0.44	0.45	-0.08	0.68	-0.30	0.69	0.37	-0.46	-0.16	-0.08
Str2	0.14	-0.22	-0.21	0.65	0.29	0.12	1	-0.20	0.51	0.27	0.23	-0.10	-0.29	0.49	0.28	0.01	-0.35	-0.67
Neis1	0.41	0.93	-0.22	-0.41	-0.47	-0.25	-0.20	1	-0.12	-0.38	0.68	0.13	0.94	-0.46	-0.33	0.13	-0.09	0.57
Fus1	0.09	0.00	-0.31	0.28	-0.11	0.44	0.51	-0.12	1	-0.12	-0.03	0.42	-0.15	0.39	-0.12	-0.45	-0.22	-0.36
Rot1	0.03	-0.41	-0.39	0.53	0.40	0.45	0.27	-0.38	-0.12	1	0.09	-0.05	-0.37	0.51	0.97	0.24	-0.46	-0.27
Vei1	0.70	0.69	-0.37	0.23	-0.06	-0.08	0.23	0.68	-0.03	0.09	1	-0.04	0.66	-0.08	0.13	0.43	-0.37	0.23
Por1	-0.29	0.15	-0.46	-0.05	-0.44	0.68	-0.10	0.13	0.42	-0.05	-0.04	1	0.10	0.38	-0.08	-0.58	-0.15	0.16
Neis2	0.46	0.90	-0.10	-0.33	-0.42	-0.30	-0.29	0.94	-0.15	-0.37	0.66	0.10	1	-0.41	-0.29	0.21	-0.04	0.52
Pre2	-0.22	-0.38	-0.35	0.61	0.14	0.69	0.49	-0.46	0.39	0.51	-0.08	0.38	-0.41	1	0.50	-0.28	-0.21	-0.56
Rot2	0.06	-0.38	-0.34	0.58	0.39	0.37	0.28	-0.33	-0.12	0.97	0.13	-0.08	-0.29	0.50	1	0.24	-0.49	-0.32
Str3	0.49	0.20	0.08	-0.03	0.56	-0.46	0.01	0.13	-0.45	0.24	0.43	-0.58	0.21	-0.28	0.24	1	-0.27	0.18
Oth	-0.15	-0.11	0.50	-0.19	-0.26	-0.16	-0.35	-0.09	-0.22	-0.46	-0.37	-0.15	-0.04	-0.21	-0.49	-0.27	1	-0.08
qPCR	0.07	0.64	-0.16	-0.76	-0.42	-0.08	-0.67	0.57	-0.36	-0.27	0.23	0.16	0.52	-0.56	-0.32	0.18	-0.08	1

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: *Porphyrromonas* 1

Neis2: *Neisseria*

Pre2: *Prevotella* 2

Rot2: *Rothia* 2

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

Oth: OTUs out of the major core microbiota