

S4 Table. Uncorrected p-values associated with Spearman correlations 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	/	0.04	0.8018	0.3977	0.3404	0.6197	0.5585	0.0755	0.6934	0.8973	0.0006	0.2179	0.0425	0.3488	0.8035	0.0265	0.5309	0.7623
Ha1	0.04	/	0.2184	0.0516	0.0521	0.5564	0.3403	4.1e-09	0.9839	0.0716	0.0007	0.5361	9.10-8	0.0976	0.0976	0.3978	0.6344	0.0023
Sta	0.8018	0.2184	/	0.8697	0.432	0.0112	0.3842	0.3508	0.185	0.0895	0.1053	0.0395	0.664	0.1343	0.1484	0.7235	0.0264	0.5052
Pre1	0.3977	0.0516	0.8697	/	0.1484	0.2851	0.0018	0.0734	0.2272	0.0171	0.3259	0.8304	0.1527	0.0041	0.0069	0.8949	0.4274	10.10-5
Str1	0.3404	0.0521	0.432	0.1484	/	0.6608	0.217	0.0373	0.645	0.0844	0.8011	0.0496	0.0639	0.5608	0.0896	0.0106	0.2709	0.0666
Pept	0.6197	0.5564	0.0112	0.2851	0.6608	/	0.6109	0.2909	0.0539	0.0453	0.7239	0.0011	0.2014	0.0008	0.1043	0.0418	0.5058	0.7382
Str2	0.5585	0.3403	0.3842	0.0018	0.217	0.6109	/	0.3959	0.0208	0.2567	0.3227	0.6701	0.2171	0.0282	0.2246	0.9799	0.1264	0.0012
Neis1	0.0755	4.10-9	0.3508	0.0734	0.0373	0.2909	0.3959	/	0.6033	0.0946	0.001	0.5843	7.10-10	0.0419	0.153	0.5962	0.7085	0.0081
Fus1	0.6934	0.9839	0.185	0.2272	0.645	0.0539	0.0208	0.6033	/	0.6045	0.8949	0.0649	0.5416	0.0856	0.609	0.0467	0.349	0.1196
Rot1	0.8973	0.0716	0.0895	0.0171	0.0844	0.0453	0.2567	0.0946	0.6045	/	0.7052	0.8354	0.1069	0.0217	7.10-13	0.3038	0.0435	0.2457
Vei1	0.0006	0.0007	0.1053	0.3259	0.8011	0.7239	0.3227	0.001	0.8949	0.7052	/	0.8749	0.0015	0.7527	0.5912	0.0565	0.1131	0.3291
Por1	0.2179	0.5361	0.0395	0.8304	0.0496	0.0011	0.6701	0.5843	0.0649	0.8354	0.8749	/	0.6889	0.1	0.7288	0.0071	0.5288	0.4937
Neis2	0.0425	9.10-8	0.664	0.1527	0.0639	0.2014	0.2171	7.10-10	0.5416	0.1069	0.0015	0.6889	/	0.0696	0.2094	0.3747	0.8637	0.3291
Pre2	0.3488	0.0976	0.1343	0.0041	0.5608	0.0008	0.0282	0.0419	0.0856	0.0217	0.7527	0.1	0.0696	/	0.0261	0.2376	0.3695	0.4937
Rot2	0.8035	0.0976	0.1484	0.0069	0.0896	0.1043	0.2246	0.153	0.609	7.10-13	0.5912	0.7288	0.2094	0.0261	/	0.3069	0.0271	0.4937
Str3	0.0265	0.3978	0.7235	0.8949	0.0106	0.0418	0.9799	0.5962	0.0467	0.3038	0.0565	0.0071	0.3747	0.2376	0.3069	/	0.243	0.4937
Oth	0.5309	0.6344	0.0264	0.4274	0.2709	0.5058	0.1264	0.7085	0.349	0.0435	0.1131	0.5288	0.8637	0.3695	0.0271	0.243	/	0.4937
qPCR	0.7623	0.0023	0.5052	10.10-5	0.0666	0.7382	0.0012	0.0081	0.1196	0.2457	0.3291	0.4937	0.0188	0.0108	0.1623	0.4465	0.7527	

Significant correlations are represented in bold (uncorrected p-values, threshold: 0.05).

Ge: *Gemella*
 Ha1: *Haemophilus* 1
 Sta: *Staphylococcus aureus*
 Pre1: *Prevotella* 1
 Str1: *Streptococcus* 1 (Mitis group)
 Pept: *Peptostreptococcus*

Str2: *Streptococcus* 2 (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
 Oth: OTUs out of the major core microbiota