

OTU	Family	%_hor Genus	%_hor BLAST/RDP_seqmatch	fold increase	Robust_FDR_pv control (mean)	control (SEM)	C26 (mean)	C26 (SEM)	
OTU_2	Porphyromonadaceae	1 Parabacteroides	1 Parabacteroides goldsteini/ASF519	28,66	5,25E-33	0,010691588	0,002859025	0,306424922	0,022640607
OTU_692	Ruminococcaceae	0,99 Oscillibacter	0,55	0,03	1,34E-19	0,000928054	0,000125956	2,84118E-05	1,42316E-05
OTU_370	Desulfotomobacteriaceae	0,1 Desulfotomobacter	0,08	0,14	5,74E-19	9,00247E-05	6,01E-06	1,25863E-05	6,57E-06
OTU_690	Ruminococcaceae	1 Anaerotruncus	0,93 Anaerotruncus colihominis	272,46	3,37E-14	8,27E-06	8,27E-06	0,002253298	0,000270596
OTU_95	Porphyromonadaceae	0,9 Barnesiella	0,8	0,15	7,48E-14	0,017571179	0,002375079	0,002698372	0,000595302
OTU_13	Ruminococcaceae	0,96 Oscillibacter	0,81	0,17	1,14E-11	0,034100259	0,003872723	0,005828646	0,001559099
OTU_31	Ruminococcaceae	1 Oscillibacter	0,89	0,05	2,46E-11	0,012803057	0,001820474	0,000614179	0,000216355
OTU_39	Veillonellaceae	0,48 Zymophilus	0,25	0,04	1,99E-09	0,020559354	0,003251331	0,000721309	0,000218332
OTU_24	Lachnospiraceae	0,97 Coprococcus	0,17	0,00	4,70E-09	0,09130305	0,01407281	6,57171E-05	4,06848E-05
OTU_184	Gracilibacteraceae	0,23 Gracilibacter	0,14	0,08	2,95E-07	0,000920733	0,000120697	7,16697E-05	2,47639E-05
OTU_505	Ruminococcaceae	0,9 Clostridium IV	0,42	0,24	2,95E-07	0,005495614	0,00076337	0,001325811	0,000184892
OTU_362	Lachnospiraceae	0,95 Anaerostipes	0,29	0,00	3,33E-06	0,001641083	0,000374096	3,09E-06	3,09E-06
OTU_15	Lachnospiraceae	0,84 Oribacterium	0,27	0,07	1,65034E-05	0,012106256	0,002419305	0,000886297	0,000326926
OTU_215	Lachnospiraceae	0,99 Moryella	0,31	0,17	0,000019829	0,001037204	0,000160926	0,00017843	9,50537E-05
OTU_281	Lachnospiraceae	0,8 Lactonifactor	0,18	0,10	2,26109E-05	0,001876873	0,000732287	0,000191778	0,000123859
OTU_141	Ruminococcaceae	0,99 Pseudoflavonifractor	0,49	0,12	3,17961E-05	0,008545152	0,00174127	0,001007353	0,000153902
OTU_227	Lachnospiraceae	0,96 Shuttleworthia	0,23	5,28	5,98597E-05	0,000311977	0,000101362	0,001646678	0,000208101
OTU_309	Clostridiales_Incertae Sedis	0,57 Anaerovorax	0,57	0,04	5,98597E-05	0,000405349	0,000110312	1,55149E-05	7,78E-06
OTU_197	Lachnospiraceae	0,89 Catonella	0,28	0,07	6,67003E-05	0,001417741	0,00030345	0,000103635	3,34648E-05
OTU_676	Ruminococcaceae	1 Acetanaerobacterium	0,44	0,27	0,000369873	0,000240539	4,01095E-05	6,57026E-05	1,81068E-05
OTU_157	Veillonellaceae	0,26 Propionispira	0,2	0,02	0,000395386	0,001962772	0,000488279	3,74067E-05	1,89745E-05
OTU_1	Deferribacteraceae	1 Mucispirillum	1 Mucispirillum schaedleri/ASF457	1,72	0,000412384	0,082728378	0,008419706	0,142443261	0,012507371
OTU_89	Clostridiaceae 1	0,08 Fervidicella	0,08	0,01	0,000450968	0,000901551	0,000230529	6,33E-06	6,33E-06
OTU_11	Bacteroidaceae	1 Bacteroides	1 Bacteroides uniformis	99,80	0,000450968	0,001503298	0,000259163	0,150029934	0,030273364
OTU_7	Lachnospiraceae	0,6 Lactonifactor	0,16	0,03	0,000450968	0,095202827	0,023558917	0,003241702	0,001571542
OTU_758	Ruminococcaceae	0,88 Pseudoflavonifractor	0,53	0,04	0,000591673	0,000535296	0,000116929	2,19803E-05	1,59865E-05
OTU_77	Lachnospiraceae	0,56 Lactonifactor	0,02	0,03	0,000796824	0,00943445	0,003523259	0,000328549	0,000108338
OTU_23	Porphyromonadaceae	0,85 Barnesiella	0,85	0,24	0,000796824	0,042074923	0,006181964	0,010177057	0,001849426
OTU_54	Lactobacillaceae	1 Lactobacillus	1 Lactobacillus johnsonii/gasseri	0,23	0,000872596	0,005194426	0,000927036	0,001178834	0,000551281
OTU_757	Veillonellaceae	0,41 Zymophilus	0,23	0,01	0,001843629	0,000361683	0,000101245	3,18E-06	3,18E-06
OTU_174	Lachnospiraceae	0,94 Coprococcus	0,12	0,34	0,002259362	0,00137234	0,000235312	0,000467331	0,000108067
OTU_101	Lachnospiraceae	1 Clostridium XIVa	0,25	0,03	0,003052326	0,004331031	0,001235341	0,0001161	3,24596E-05
OTU_218	Ruminococcaceae	0,93 Ruminococcus	0,46	0,18	0,00311791	8,53936E-05	1,82018E-05	1,56759E-05	9,33E-06
OTU_404	Ruminococcaceae	0,99 Clostridium IV	0,63	0,02	0,003421841	0,000293595	8,51551E-05	6,26E-06	4,04E-06
OTU_128	Lachnospiraceae	0,96 Blautia	0,29	0,24	0,003645622	0,002822305	0,000569335	0,000677414	0,000289382
OTU_97	Enterobacteriaceae	1 Salmonella	0,6 Escherichia/Shigella	2698,45	0,003829977	5,68E-06	5,68E-06	0,015327549	0,0004535798
OTU_204	Ruminococcaceae	0,8 Anaerotruncus	0,2	0,03	0,00396731	0,001472901	0,000353891	5,01007E-05	1,83404E-05
OTU_376	Veillonellaceae	0,35 Propionispira	0,23	0,02	0,00410176	0,001195066	0,000354282	2,50083E-05	7,45E-06
OTU_175	Ruminococcaceae	1 Oscillibacter	0,97	0,38	0,004165616	0,012840621	0,001470792	0,004880834	0,000992805
OTU_65	Lachnospiraceae	0,53 Marvinbryantia	0,22	0,42	0,004936942	0,005547818	0,001666451	0,00013748	4,31324E-05
OTU_337	Gracilibacteraceae	0,07 Lutispora	0,05	0,07	0,0005058896	0,000843001	0,00023813	6,28402E-05	3,81873E-05
OTU_152	Lachnospiraceae	0,79 Clostridium XIVa	0,33	0,16	0,005360071	0,004800784	0,001164519	0,000761009	0,000466506
OTU_420	Eubacteriaceae	0,24 Garcella	0,22	0,02	0,005815567	0,000131811	3,34306E-05	3,04E-06	3,04E-06
OTU_331	Gracilibacteraceae	0,36 Gracilibacter	0,25	0,25	0,005830403	0,000570059	0,000173523	0,000144187	3,84161E-05
OTU_56	Porphyromonadaceae	0,53 Barnesiella	0,32	0,12	0,005851921	0,004535608	0,001409505	0,000537318	0,00017759
OTU_387	Clostridiales_Incertae Sedis	0,6 Anaerovorax	0,58	5,96	0,006730999	6,02467E-05	2,01391E-05	0,000358912	0,000072249
OTU_278	Staphylococcaceae	1 Staphylococcus	1 Staphylococcus sp./sciuri	183,71	0,006786318	1,16967E-05	7,94E-06	0,002148785	0,000673485
OTU_105	Ruminococcaceae	1 Anaerotruncus	0,2 Clostridium/Ruminococcus (0,83)	11,48	0,006927767	0,00110377	0,000982576	0,012669922	0,003526661
OTU_177	Veillonellaceae	0,41 Propionispira	0,38	0,09	0,007023589	0,000522335	0,000148922	0,00004715	3,37629E-05
OTU_116	Lachnospiraceae	0,93 Coprococcus	0,68	0,23	0,007707329	0,002425949	0,000589279	0,000550752	0,000149831
OTU_247	Sutterellaceae	1 Parasutterella	1 Parasutterella excrementihominis	3,13	0,009619031	0,001055128	0,000102858	0,003301469	0,000726316
OTU_344	Lachnospiraceae	0,49 Marvinbryantia	0,15	0,04	0,009857593	0,001254917	0,000398666	5,33385E-05	2,27004E-05
OTU_70	Gracilibacteraceae	0,19 Gracilibacter	0,09	0,01	0,010030015	0,016502175	0,004081238	0,000229132	8,59558E-05
OTU_182	Lachnospiraceae	0,99 Lachnospiraceae_incertae_s	0,61	0,02	0,010043472	0,001643867	0,000540327	2,80546E-05	1,13777E-05
OTU_730	Lachnospiraceae	0,93 Anaerostipes	0,35	0,00	0,010043472	0,000718294	0,000239135	3,14E-06	3,14E-06
OTU_782	Ruminococcaceae	0,99 Flavonifractor	0,65	0,10	0,011432882	0,000245938	0,00007411	2,51046E-05	1,01485E-05
OTU_100	Clostridiaceae 1	0,32 Oxobacter	0,26	0,05	0,013660852	0,001109295	0,000282951	5,24109E-05	1,68884E-05
OTU_26	Lachnospiraceae	0,67 Lachnobacterium	0,18	0,00	0,018668509	0,03452632	0,008270386	5,88595E-05	0,000027643
OTU_239	Lachnospiraceae	0,99 Lactonifactor	0,25	0,04	0,024867375	0,001217984	0,000427284	5,02071E-05	2,57404E-05
OTU_140	Lachnospiraceae	0,78 Johnsonella	0,33	0,42	0,026099447	0,00143437	0,000240431	0,000601888	0,000188581
OTU_181	Lachnospiraceae	0,98 Coprococcus	0,32	0,02	0,028835339	0,008447126	0,002847091	0,000184839	9,64758E-05
OTU_25	Gracilibacteraceae	0,28 Lutispora	0,26	0,29	0,028835339	0,005712756	0,001461418	0,001666775	0,000390141
OTU_389	Clostridiales_Incertae Sedis	0,3 Anaerovorax	0,3	24,42	0,034616399	0,000012126	8,40E-06	0,000296078	0,000106731
OTU_503	Ignavibacteriaceae	0,15 Ignavibacterium	0,15	disappear	0,03484864	0,000102606	3,93292E-05	0	0
OTU_17	Enterobacteriaceae	1 Escherichia/Shigella	1 Escherichia/Shigella	4676,53	0,035441902	2,03982E-05	1,19541E-05	0,095392777	0,027095283
OTU_194	Lachnospiraceae	0,98 Blautia	0,46	0,12	0,035441902	0,000242099	8,20099E-05	2,79174E-05	9,24E-06
OTU_58	Lachnospiraceae	0,5 Clostridium XIVb	0,44	0,19	0,03974854	0,009383345	0,002930511	0,0001797478	0,000454889
OTU_635	Halobacteriaceae	0,09 Halarchaenum	0,03	appear	0,039982501	0	0	1,85822E-05	5,64E-06
OTU_159	Lachnospiraceae	0,98 Lachnospiraceae_incertae_s	0,2	0,15	0,041989315	0,003326766	0,001050799	0,00048752	0,000295349
OTU_644	Lachnospiraceae	0,99 Lachnospiraceae_incertae_s	0,23	appear	0,049432551	0	0	2,18852E-05	8,40E-06