

The underlying microbial mechanism of epizootic rabbit enteropathy triggered by a low fiber diet

DingXing Jin^{a*}, HuaWei Zou^{a*}, SiQiang Liu^a, LiZhi Wang^a, Bai Xue^a, De Wu^a, Gang Tian^a, Jingyi Cai^a, TianHai Yan^b, ZhiSheng Wang^a & QuanHui Peng^a

^a Institute of Animal Nutrition, Key Laboratory of Bovine Low-Carbon Farming and Safe Production, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan, 625014, PR China

^b Agri-Food and Biosciences Institute, Hillsborough, Co. Down BT26 6DR, United Kingdom

*This two authors contributed equally to this paper.

Correspondence and requests for materials should be addressed to Q.P. and Z.W. (email: pengquanhui@126.com, wangzs67@163.com)

Address: Animal nutrition institute, Xinkang road 46#, Yucheng, Ya'an, Sichuan province. Post code: 625014

Tel: +86 15283511570

Table S1. Relative abundance (%) of bacterial at different classification level in the three parts of the digestive tracts in normal and ERE rabbits. The relative abundance $\geq 0.05\%$ was present in this table.

Item	S			I			C			P-value
	NS	ES	P	NI	EI	P	NC	EC	P	Normal
p__Firmicutes	44.60 ^b	25.73	<0.01	41.69 ^b	31.71	<0.01	72.12 ^a	47.72	<0.01	<0.01
c__Clostridia	33.00 ^c	17.43	<0.01	37.61 ^b	22.98	<0.01	65.70 ^a	39.78	<0.01	<0.01
o__Clostridiales	32.80 ^c	17.42	<0.01	37.57 ^b	23.01	<0.01	65.66 ^a	39.72	<0.01	<0.01
f__Ruminococcaceae	16.84 ^c	6.69	<0.01	24.72 ^b	9.24	<0.01	32.77 ^a	13.70	<0.01	<0.01
g__Ruminococcaceae NK4A214 group	3.10 ^b	2.15	0.13	3.14 ^b	0.53	<0.01	7.27 ^a	4.55	<0.01	<0.01
g__Ruminococcaceae V9D2013 group	1.52 ^b	1.09	0.35	4.61 ^a	0.37	<0.01	5.20 ^a	1.90	<0.01	<0.01
g__Ruminococcaceae UCG- 014 group	0.05 ^b	0.16	0.05	2.54 ^a	0.52	<0.01	2.37 ^a	2.13	0.64	<0.01
g__Ruminococcaceae UCG- 013 group	0.15 ^b	0.23	0.52	0.24 ^b	0.15	0.43	1.01 ^a	0.83	0.43	0.03
g__Ruminococcaceae UCG- 005 group	0	0	-	0.24	0.05	0.04	0.22	0.11	0.46	0.11
g__Ruminococcus	1.85 ^b	0.09	0.03	2.03 ^b	0.56	<0.01	3.77 ^a	0.89	<0.01	<0.01
g__Subdoligranulum	1.05 ^b	0.65	0.24	1.13 ^b	0.98	0.10	2.41 ^a	1.85	0.23	<0.01
g__Ruminiclostridium	3.74 ^a	1.43	<0.01	4.73 ^a	0.84	<0.01	1.44 ^b	1.29	0.46	0.02
g__Anaerotruncus	0.22 ^c	0.14	0.14	0.39 ^b	0.29	0.58	0.63 ^a	0.31	<0.01	<0.01
g__Faecalibacterium	0.76	0.07	0.06	0.32	0	0.02	1.59	0.14	<0.01	0.08
g__Flavonifractor	0.54 ^a	0	0.02	0.09 ^b	0.12	0.55	0.69 ^a	0.12	<0.01	<0.01
g__Papillibacter	0.60	0	0.02	0	0	-	0.91	0.13	<0.01	<0.01
f__Lachnospiraceae	5.91 ^b	3.74	0.01	8.66 ^b	5.78	0.07	23.66 ^a	11.16	<0.01	<0.01

g__Lachnospiraceae NK4A136 group	2.30 ^c	1.55	0.10	5.40 ^b	2.54	0.02	8.46 ^a	3.26	<0.01	<0.01
g__Lachnoclostridium	0.87 ^b	0.63	0.45	1.40 ^a	0.87	0.10	1.49 ^b	1.09	0.13	0.01
g__Sporobacter	0.16 ^b	0.21	0.57	0.22 ^b	0.52	0.16	1.69 ^a	1.48	0.51	<0.01
g__Fusicatenibacter	0.30 ^b	0.21	0.35	0.34 ^b	0.15	0.05	2.35 ^a	0.61	<0.01	<0.01
g__Butyrivibrio	0.35	0	<0.01	0.87	0	<0.01	0.66	0.05	<0.01	0.57
g__Tyzzerella	0.51 ^a	0.33	0.51	0.49 ^a	0.13	0.06	0.18 ^b	0.19	0.86	0.03
g__Anaerospobacter	0.24 ^b	0.21	0.60	0.35 ^a	1.54	<0.01	0.42 ^a	0.29	0.05	<0.01
g__Blautia	0.10	0.07	0.47	0.18	0.13	0.62	0.27	0.11	0.04	0.06
f__Eubacteriaceae	4.91 ^a	0.67	<0.01	1.17 ^c	0.24	0.06	4.64 ^b	3.10	0.03	<0.01
g__Eubacterium	1.34 ^a	0.45	0.04	0.76 ^c	0.19	0.30	1.40 ^b	1.10	0.49	<0.01
f__Clostridiaceae	2.06 ^b	5.17	<0.01	2.46 ^b	6.84	<0.01	3.92 ^a	9.78	<0.01	0.03
g__Clostridium	0.89	3.83	<0.01	1.10	3.12	<0.01	1.27	6.52	<0.01	0.09
f__Christensenellaceae	0.40	0.29	0.33	0.41	0.26	0.39	0.64	1.58	<0.01	0.14
g__Christensenellaceae R-7 group	0.33	0.28	0.72	0.40	0.24	0.33	0.64	1.56	<0.01	0.10
f__Family XI	0.25	0.56	0.14	0.21	0.53	0.16	0.18	0.23	0.52	0.72
g__Sedimentibacter	0.25	0.56	0.14	0.21	0.53	0.16	0.18	0.23	0.52	0.72
o__Halanaerobiales	0	0	-	0	0	-	0	0.11	0.43	-
f__Halobacteroidaceae	0	0	-	0	0	-	0	0.11	0.43	-
c__Bacilli	3.87	6.45	0.02	2.26	7.03	<0.01	3.06	4.06	0.03	0.17
o__Bacillales	2.40	6.13	<0.01	1.75	6.93	<0.01	0.95	3.95	<0.01	0.06
f__Planococcaceae	0.65	5.47	<0.01	0.53	5.87	<0.01	0.26	3.43	<0.01	0.33
g__Lysinibacillus	0.29	3.16	<0.01	0.18	1.87	<0.01	0.11	2.51	<0.01	0.21
g__Solibacillus	0.32	0.25	0.62	0.30	2.22	<0.01	0.13	0.90	<0.01	0.45
f__Bacillaceae	1.09	0.55	0.05	0.90	0.81	0.77	0.53	0.47	0.78	0.14
g__Bacillus	1.09	0.55	0.05	0.90	0.81	0.77	0.53	0.47	0.78	0.14
o__Lactobacillales	2.44	0.22	0.06	1.89	0.08	0.11	2.44	0.08	<0.01	0.63
f__Lactobacillaceae	2.44	0.22	0.06	1.89	0.08	0.11	2.38	0.08	<0.01	0.63
g__Lactobacillus	2.24	0.09	0.04	1.89	0.05	0.01	1.08	0.08	<0.01	0.48
c__Erysipelotrichia	5.58 ^a	0.21	<0.01	0.45 ^b	0.64	0.37	0.27 ^b	0.25	0.80	<0.01
o__Erysipelotrichales	4.24 ^a	0.21	<0.01	1.66 ^b	0.51	0.41	0.27 ^b	0.25	0.80	<0.01
f__Erysipelotrichaceae	4.24 ^a	0.21	<0.01	1.66 ^b	0.51	0.41	0.27 ^b	0.25	0.80	<0.01
g__Allobaculum	2.29 ^a	0.11	<0.01	0.35 ^b	0.15	0.25	0.11 ^b	0.11	0.83	<0.01
g__Turicibacter	0.68	0.06	0.08	0.43	0.29	0.70	0.11	0.12	0.83	0.51
c__Negativicutes	2.14	1.50	0.22	1.28	1.54	0.64	2.95	3.59	0.58	0.16
o__Selenomonadales	2.14	1.46	0.19	1.28	1.37	0.44	2.78	3.27	0.69	0.25
f__Acidaminococcaceae	1.76	1.63	0.87	0.92	1.13	0.49	1.78	2.88	0.72	0.19
g__Phascolarctobacterium	1.76	0.95	0.07	0.91	1.13	0.50	0.27	1.37	0.03	0.19
f__Veillonellaceae	0.38	0.49	0.48	0.36	0.25	0.40	0.34	0.36	0.76	0.96
g__Megasphaera	0.19	0.38	0.13	0.25	0.21	0.65	0.25	0.27	0.83	0.77

p__Proteobacteria	27.50 ^a	52.25	<0.01	18.28 ^b	16.48	0.23	5.09 ^c	10.86	<0.01	<0.01
c__Gammaproteobacteria	14.03 ^a	22.47	<0.01	10.44 ^b	14.64	0.01	2.79 ^c	9.25	<0.01	<0.01
o__Enterobacteriales	3.67 ^a	17.64	<0.01	3.50 ^a	13.01	<0.01	1.34 ^b	7.19	<0.01	<0.01
f__Enterobacteriaceae	3.67 ^a	17.64	<0.01	3.50 ^a	13.01	<0.01	1.34 ^b	7.19	<0.01	<0.01
g__Escherichia-Shigella	1.85 ^b	1.73	0.77	2.78 ^b	1.18	<0.01	2.62 ^a	0.63	<0.01	0.03
g__Enterobacter	0.34 ^a	4.12	<0.01	0.13 ^{ab}	5.30	<0.01	0.07 ^b	0.12	0.49	0.02
g__Escherichia	0.74	3.80	<0.01	0.33	4.39	<0.01	0.11	6.39	<0.01	0.64
o__Pseudomonadales	7.08 ^a	4.01	0.03	4.36 ^b	1.13	<0.01	0.82 ^c	1.45	0.16	<0.01
f__Pseudomonadaceae	5.05 ^a	4.17	0.02	4.03 ^b	1.11	<0.01	0.82 ^c	1.34	0.19	<0.01
g__Pseudomonas	2.71 ^a	4.17	0.05	3.69 ^b	1.09	<0.01	0.66 ^c	1.21	0.17	<0.01
o__Xanthomonadales	1.53 ^a	0.34	<0.01	1.00 ^a	0.16	0.02	0.22 ^b	0.19	0.71	<0.01
f__Xanthomonadaceae	1.48 ^a	0.32	<0.01	0.97 ^a	0.15	0.02	0.18 ^b	0.18	0.94	<0.01
g__Xanthomonas	1.32 ^a	0.29	<0.01	0.80 ^b	0.15	0.02	0.18 ^c	0.18	0.95	<0.01
o__Oceanospirillales	1.39 ^a	0.12	<0.01	0.19 ^b	0	0.20	0.20 ^b	0	0.33	<0.01
f__Halomonadaceae	1.39 ^a	0.11	<0.01	0.19 ^b	0	0.20	0.20 ^b	0	0.34	<0.01
g__Halomonas	1.39 ^a	0.11	<0.01	0.19 ^b	0	0.20	0.20 ^b	0	0.34	<0.01
o__Acidithiobacillales	0.33	0.32	0.93	0.36	0.24	0.36	0.14	0.23	0.27	0.27
c__Alphaproteobacteria	7.45 ^a	24.44	<0.01	4.41 ^b	0.88	<0.01	0.14 ^c	0.10	0.18	<0.01
o__Sphingomonadales	3.86 ^a	15.55	<0.01	2.86 ^a	0.49	<0.01	0.66 ^b	0.54	0.40	<0.01
f__Sphingomonadaceae	3.85 ^a	12.81	<0.01	2.86 ^a	0.49	<0.01	0.63 ^b	0.52	0.43	<0.01
g__Sphingomonas	3.37 ^a	13.93	<0.01	2.12 ^a	0.41	<0.01	0.59 ^b	0.50	0.53	<0.01
o__Rhizobiales	2.41 ^a	6.56	<0.01	0.96 ^b	0.25	<0.01	0.42 ^b	0.29	0.27	<0.01
f__Methylobacteriaceae	1.35 ^a	2.32	0.13	0.50 ^{ab}	0.14	0.09	0.27 ^b	0.20	0.42	0.04
g__Methylobacterium	1.35 ^a	2.32	0.28	0.50 ^{ab}	0.14	0.09	0.27 ^b	0.20	0.42	0.04
f__Hyphomicrobiaceae	0.36	2.34	<0.01	0.19	0	0.07	0	0	-	0.02
o__Rhodospirillales	0.61	0.29	0.32	0.29	0.08	0.07	0.14	0.10	0.68	0.23
f__Rhodospirillaceae	0.31	0.26	0.79	0.24	0.08	0.10	0.11	0.10	0.72	0.53
g__Defluviicoccus	0.26	0.11	0.48	0.16	0.08	0.46	0.10	0.06	0.61	0.69
o__Caulobacterales	0.47	0.43	0.85	0.24	0.07	0.03	0.09	0.10	0.89	0.05
f__Caulobacteraceae	0.42 ^a	0.42	0.95	0.21 ^{ab}	0.05	0.03	0.09 ^b	0.09	0.75	0.04
g__Brevundimonas	0.24	0.28	0.77	0.18	0	0.04	0.08	0.09	0.68	0.31
c__Betaproteobacteria	4.79 ^a	4.82	0.99	2.67 ^b	0.47	<0.01	0.67 ^c	0.53	0.45	<0.01
o__Burkholderiales	3.85 ^a	4.29	0.73	2.34 ^b	0.41	<0.01	0.58 ^c	0.50	0.61	<0.01
f__Oxalobacteraceae	1.93 ^a	2.69	0.48	1.10 ^{ab}	0.15	<0.01	0.20 ^b	0.17	0.64	0.01
g__Janthinobacterium	1.16 ^a	2.31	0.15	0.83 ^{ab}	0.10	<0.01	0.11 ^b	0.11	0.98	<0.01
f__Comamonadaceae	0.44	0.55	0.68	0.35	0.07	0.03	0	0.07	0.21	0.05
g__Comamonas	0.44	0.55	0.68	0.35	0.07	0.03	0	0.07	0.21	0.05
f__Burkholderiaceae	0.80 ^a	0.60	0.37	0.36 ^b	0.13	0.09	0.25 ^b	0.18	0.46	<0.01
g__Burkholderia	0.78 ^a	0.57	0.31	0.35 ^b	0.12	0.08	0.24 ^b	0.18	0.49	<0.01
c__Deltaproteobacteria	1.38 ^a	0.88	0.18	0.71 ^b	0.48	0.35	0.22 ^b	0.16	0.51	<0.01

o__Desulfovibrionales	0.80	0.77	0.94	0.45	0.42	0.84	0.15	0.13	0.80	0.06
f__Desulfovibrionaceae	0.80	0.77	0.94	0.45	0.42	0.84	0.15	0.13	0.80	0.06
g__Bilophila	0.57	0.49	0.81	0.28	0.36	0.62	0.10	0.12	0.83	0.18
o__Desulfuromonadales	0.30	0.08	0.04	0.23	0	0.27	0.05	0	0.40	0.25
f__Desulfuromonadaceae	0.20	0.08	0.10	0.22	0	0.28	0	0	-	0.39
g__Desulfuromonas	0.20	0.08	0.10	0.22	0	0.28	0	0	-	0.39
p__Bacteroidetes	18.93 ^b	16.39	0.18	32.33 ^a	41.06	<0.01	13.23 ^c	24.20	<0.01	<0.01
c__Bacteroidia	13.34 ^b	15.93	0.25	26.64 ^a	40.89	<0.01	12.92 ^b	24.00	<0.01	<0.01
o__Bacteroidales	13.06 ^b	15.60	0.26	24.38 ^a	40.24	<0.01	12.77 ^b	23.79	<0.01	<0.01
f__Bacteroidaceae	4.08 ^b	10.42	<0.01	8.52 ^a	20.45	<0.01	2.60 ^b	14.88	<0.01	<0.01
g__Bacteroides	3.93 ^b	8.42	0.01	4.52 ^a	20.45	<0.01	2.60 ^b	17.09	<0.01	<0.01
f__Rikenellaceae	6.08 ^b	2.32	<0.01	12.36 ^a	10.77	0.03	7.65 ^b	5.20	0.03	<0.01
g__Alistipes	1.82 ^b	0.92	0.02	1.88 ^b	0.91	<0.01	3.84 ^a	0.75	<0.01	<0.01
g__Rikenella	0.57	1.38	0.55	0.81	1.10	0.50	0.36	4.11	0.01	0.41
g__dgA-11 gut group	0.22	0.08	0.10	0.51	1.23	<0.01	0.29	0.35	0.80	0.04
g__Rikenellaceae RC9 gut group	0.30	0	<0.01	0.47	0	<0.01	0.07	0	<0.01	<0.01
f__Prevotellaceae	0.89	0.07	<0.01	2.04	0.05	<0.01	1.95	0	<0.01	0.08
g__Prevotella	0.89	0.07	<0.01	1.87	0.05	<0.01	1.95	0	<0.01	0.10
f__Bacteroidales S24-7 group	2.15	1.76	0.63	2.44	5.94	<0.01	2.24	3.58	0.02	0.93
c__Sphingobacteria	5.07 ^a	0.21	<0.01	5.17 ^a	0.14	<0.01	0.26 ^b	0.14	0.49	<0.01
o__Sphingobacteriales	5.01 ^a	0.19	<0.01	4.26 ^b	0.13	<0.01	0.24 ^b	0.14	0.51	<0.01
f__Sphingobacteriaceae	4.40 ^a	0.18	<0.01	3.89 ^b	0.13	<0.01	0.22 ^b	0.14	0.56	<0.01
g__Pedobacter	1.15 ^a	0.10	<0.01	0.96 ^b	0.06	<0.01	0.11 ^b	0.07	0.48	<0.01
g__Mucilaginibacter	0.37	0.08	0.18	0.30	0.06	0.15	0.10	0.07	0.69	0.43
p__Verrucomicrobia	0.52 ^b	3.22	0.19	0.74 ^b	9.42	<0.01	4.29 ^a	13.27	<0.01	<0.01
c__Verrucomicrobiae	0.44 ^b	3.13	0.23	0.73 ^b	9.35	<0.01	4.19 ^a	13.24	<0.01	<0.01
o__Verrucomicrobiales	0.44 ^b	3.13	0.23	0.73 ^b	9.21	<0.01	4.19 ^a	13.09	<0.01	<0.01
f__Verrucomicrobiaceae	0.44 ^b	3.13	0.23	0.73 ^b	9.21	<0.01	4.19 ^a	13.07	<0.01	<0.01
g__Akkermansia	0.42 ^b	3.08	0.04	0.73 ^b	9.21	<0.01	3.36 ^a	13.06	<0.01	<0.01
p__Actinobacteria	5.10	1.32	<0.01	4.05	0.53	0.01	2.89	1.01	<0.01	0.19
c__Actinobacteria	3.49	1.10	0.01	3.30	0.40	0.03	2.69	0.59	<0.01	0.70
o__Micrococcales	0.74	0.54	0.49	1.05	0.24	0.18	0.31	0.24	0.45	0.34
f__Dermabacteraceae	0.61	0.39	0.43	0.46	0.15	0.14	0.16	0.11	0.30	0.19
g__Brachybacterium	0.61	0.39	0.43	0.46	0.15	0.14	0.16	0.11	0.30	0.19
f__Micrococcaceae	0.12	0.12	0.96	0.12	0.07	0.36	0.06	0.09	0.26	0.27
g__Kocuria	0.11	0.12	0.82	0.08	0.07	0.86	0.05	0.08	0.27	0.19
o__Bifidobacteriales	0.95	0.13	<0.01	1.61	0.06	<0.01	1.48	0.07	<0.01	0.82

f__Bifidobacteriaceae	0.95	0.13	<0.01	1.61	0.06	<0.01	1.48	0.07	<0.01	0.82
g__Bifidobacterium	0.95	0.13	<0.01	1.61	0.06	<0.01	1.48	0.07	<0.01	0.82
c__Coriobacteriia	1.46 ^a	0.11	0.02	0.51 ^b	0.05	0.06	0.09 ^b	0.32	0.20	0.02
o__Propionibacteriales	1.29 ^a	0.11	0.02	0.50 ^{ab}	0.05	0.06	0.09 ^b	0.32	0.20	0.02
f__Propionibacteriaceae	1.29 ^a	0.11	0.02	0.50 ^{ab}	0.05	0.06	0.09 ^b	0.32	0.20	0.02
g__Haloactinopolyspora	1.20 ^a	0.10	0.03	0.49 ^{ab}	0.05	0.09	0.08 ^b	0.30	0.18	0.04
c__Acidimicrobiia	0.30	0.10	<0.01	0.23	0.08	0.09	0.13	0.10	0.38	0.07
o__Acidimicrobiales	0.30	0.10	<0.01	0.23	0.08	0.09	0.12	0.10	0.55	0.06
f__uncultured	0.16	0.07	0.07	0.11	0.08	0.33	0.08	0.06	0.52	0.14
g__uncultured	0.16	0.07	0.07	0.11	0.08	0.33	0.08	0.06	0.52	0.14
p__Chloroflexi	1.16 ^a	0.79	0.24	1.01 ^a	0.35	0.10	0.49 ^b	0.64	0.12	<0.01
c__Anaerolineae	0.87 ^a	0.69	0.54	0.89 ^a	0.25	0.14	0.32 ^b	0.46	0.13	0.02
o__Anaerolineales	0.51	0.63	0.67	0.58	0.23	0.44	0.28	0.41	0.11	0.23
f__Anaerolineaceae	0.51	0.63	0.67	0.58	0.23	0.44	0.28	0.41	0.11	0.23
g__uncultured	0.41	0.57	0.57	0.36	0.16	0.04	0.21	0.31	0.13	0.31
c__Gitt-GS-136	0.25	0.08	0.17	0.09	0.09	0.90	0.10	0.16	0.13	0.18
o__uncultured	0.25	0.08	0.17	0.08	0.07	0.76	0.09	0.12	0.31	0.20
p__Synergistetes	0.29	0.44	0.35	0.16	0.22	0.60	0.52	1.89	0.08	0.49
c__Synergistia	0.29	0.44	0.35	0.16	0.22	0.60	0.52	1.89	0.08	0.49
o__Synergistales	0.29	0.44	0.35	0.16	0.22	0.60	0.52	1.89	0.08	0.49
f__Synergistaceae	0.29	0.44	0.35	0.16	0.22	0.60	0.52	1.89	0.08	0.49
g__Cloacibacillus	0.19	0.21	0.86	0.12	0.16	0.57	0.15	1.51	0.03	0.49
p__Acidobacteria	0.55	0.30	0.41	0.47	0.10	0.26	0.09	0.09	0.93	0.31
c__Acidobacteria	0.55	0.30	0.41	0.47	0.10	0.26	0.09	0.09	0.93	0.31
o__Subgroup	0.55	0.30	0.41	0.47	0.10	0.26	0.09	0.09	0.93	0.31
f__uncultured	0.55	0.30	0.41	0.47	0.10	0.26	0.09	0.09	0.93	0.31
g__uncultured	0.55	0.30	0.41	0.47	0.10	0.26	0.09	0.09	0.93	0.31
p__Gemmatimonadetes	0.56	0.10	0.18	0.52	0.09	0.19	0.10	0.12	0.87	0.40
c__Gemmatimonadetes	0.56	0.10	0.18	0.52	0.09	0.19	0.10	0.12	0.87	0.40
o__Gemmatimonadales	0.52	0.08	0.22	0.50	0.09	0.21	0.08	0.11	0.71	0.43
f__Gemmatimonadaceae	0.52	0.07	0.20	0.50	0.09	0.21	0.08	0.11	0.71	0.43
g__Gemmatimonas	0.52	0.07	0.20	0.50	0.09	0.21	0.08	0.11	0.71	0.43
p__Cyanobacteria	0.17	0.06	0.41	0.23	0.07	0.15	0.06	0.18	0.16	0.43
c__Melainabacteria	0.17	0.06	0.38	0.23	0.07	0.15	0.06	0.18	0.16	0.43
o__Gastranaerophilales	0.17	0.06	0.38	0.23	0.07	0.15	0.06	0.18	0.16	0.43
f__uncultured	0.15	0.06	0.41	0.21	0	0.05	0.06	0.18	0.16	0.45

g__uncultured	0.15	0.06	0.41	0.21	0	0.05	0.06	0.18	0.16	0.45
p__Tenericutes	0.09	0.07	0.69	0.15	0	0.24	0.15	0.21	0.50	0.62
c__Mollicutes	0.09	0.07	0.69	0.15	0	0.24	0.15	0.21	0.50	0.62
o__Mollicutes RF9	0.08	0.06	0.68	0.14	0	0.38	0.14	0.18	0.65	0.65
f__uncultured	0.08	0	0.25	0.14	0	0.38	0.12	0.14	0.83	0.72
p__Nitrospirae	0.32	0	0.01	0.24	0	0.17	0.08	0	0.34	0.34
c__Nitrospira	0.32	0	0.01	0.24	0	0.17	0.08	0	0.34	0.34
o__Nitrospirales	0.32	0	0.01	0.24	0	0.17	0.08	0	0.34	0.34
f__Nitrospirales Incertae Sedis	0.31	0	<0.01	0.19	0	0.16	0.08	0	0.34	0.27
g__Candidatus Methylomirabilis	1.35	0.20	0.11	0.19	0	0.16	0.08	0	0.34	0.26
p__Tenericutes	0.09	0.07	0.56	0.15	0	0.04	0.10	0.21	0.03	0.17
c__Mollicutes	0.09	0.07	0.56	0.15	0	0.04	0.10	0.21	0.03	0.17
o__Tenericutes	0.08	0.06	0.49	0.14	0	0.05	0.10	0.18	0.05	0.42
f__uncultured	0.08	0	0.49	0.14	0	0.05	0.10	0.14	0.05	0.42
p__Nitrospirae	0.32	0	0.02	0.24	0	0.01	0.07	0	0.12	0.09
c__Nitrospira	0.32	0	0.02	0.24	0	0.01	0.07	0	0.12	0.09
o__Nitrospirales	0.32	0	0.02	0.24	0	0.01	0.07	0	0.12	0.09
f__Nitrospirales Incertae Sedis	0.30	0	0.03	0.19	0	0.02	0.07	0	0.12	0.10
g__Candidatus Methylomirabilis	0.30	0	0.03	0.19	0	0.02	0.07	0	0.12	0.10