

Effects of dietary energy on growth performance, rumen fermentation and bacterial community, and meat quality of Holstein-Friesians bulls slaughtered at different ages

Table S1. Relative abundance of ruminal bacteria at the phylum level.

Item ¹	LE			ME			HE			SEM	P-value		
	20	23	26	20	23	26	20	23	26		Diet	Age	Diet×Age
<i>p_Bacteroidetes</i>	54.1	55.9	57.1	53.3	55.2	55.3	53.4	54.8	52.4	0.812	0.623	0.718	0.946
<i>p_Firmicutes</i>	28.5	28.2	27.7	33.5	26.5	31.1	32.9	33.0	32.5	1.022	0.210	0.648	0.792
<i>Firmicutes: Bacteroidetes</i>	0.54	0.53	0.49	0.64	0.48	0.56	0.62	0.61	0.65	0.027	0.321	0.646	0.867
<i>p_Proteobacteria</i>	8.33	4.72	4.48	4.78	9.32	6.71	7.84	4.63	8.90	0.673	0.706	0.897	0.166
<i>p_Fibrobacteres</i>	2.47	2.57	1.92	1.92	2.20	1.53	1.98	2.05	1.15	0.177	0.412	0.242	0.996
<i>p_Verrucomicrobia</i>	1.24	2.03	2.48	1.03	1.76	1.16	0.51	1.07	1.74	0.167	0.105	0.071	0.610
<i>p_Spirochaetae</i>	1.42	1.54	1.41	1.39	1.46	1.24	0.84	1.33	0.80	0.091	0.104	0.397	0.918
<i>p_Tenericutes</i>	0.95	1.17	1.50	0.63	0.67	0.89	0.62	0.65	0.43	0.064	0.001	0.143	0.069
<i>p_Saccharibacteria</i>	0.77	1.20	1.19	1.23	0.86	0.58	0.35	0.54	0.35	0.084	0.003	0.640	0.153
<i>p_Cyanobacteria</i>	0.77	0.62	0.52	0.57	0.39	0.26	0.26	0.31	0.45	0.047	0.023	0.489	0.347
<i>p_SR1_Absconditabacteria</i>	0.28	0.81	0.53	0.47	0.19	0.24	0.10	0.63	0.14	0.060	0.098	0.094	0.074
<i>p_Synergistetes</i>	0.33	0.31	0.16	0.25	0.37	0.38	0.25	0.30	0.22	0.026	0.443	0.591	0.478
<i>p_Actinobacteria</i>	0.21	0.17	0.17	0.37	0.49	0.21	0.61	0.12	0.21	0.045	0.236	0.150	0.159
<i>p_Lentisphaerae</i>	0.34	0.39	0.52	0.18	0.32	0.18	0.07	0.21	0.33	0.038	0.038	0.223	0.600
<i>p_Elusimicrobia</i>	0.22	0.35	0.27	0.25	0.15	0.15	0.15	0.31	0.21	0.030	0.441	0.639	0.704

¹LE: low energy; ME: medium energy; HE: high energy. 20, 23 and 26 represent bulls slaughtered at 20, 23 and 26 months of age, respectively.

Table S2. Relative abundance of ruminal bacteria at the genus level.

Item ¹	LE			ME			HE			SEM	P-value		
	20	23	26	20	23	26	20	23	26		Diet	Age	Diet×Age
<i>g_Prevotella_1</i>	24.9	24.1	25.6	25.1	30.0	23.4	25.5	25.8	27.3	0.999	0.860	0.838	0.702
<i>g_Unidentified</i>	26.5	29.9	30.4	24.0	22.4	24.0	22.0	25.3	24.0	0.764	0.004	0.438	0.679
<i>g_Succinivibrionaceae_UCG-002</i>	3.38	4.28	2.98	4.89	4.85	4.13	6.66	6.09	5.17	0.349	0.022	0.428	0.958
<i>g_Rikenellaceae_RC9_gut_group</i>	5.49	4.69	4.92	3.79	3.17	4.32	2.32	4.17	3.46	0.210	0.001	0.659	0.054
<i>g_Succinivibrionaceae_UCG-001</i>	3.35	1.82	1.63	2.51	4.35	4.05	5.09	2.58	4.88	0.462	0.248	0.796	0.513
<i>g_Prevellaceae_UCG-001</i>	2.67	2.57	2.81	2.20	1.90	3.63	3.46	2.70	1.67	0.199	0.975	0.688	0.083
<i>g_Christensenellaceae_R-7_group</i>	2.24	2.45	2.44	2.70	1.89	2.85	2.50	1.86	2.03	0.136	0.586	0.424	0.625
<i>g_Ruminococcus_2</i>	2.10	1.18	1.15	4.02	2.38	2.63	2.32	1.29	2.28	0.271	0.067	0.184	0.913
<i>g_Prevellaceae_UCG-003</i>	2.15	1.89	2.23	2.49	1.92	3.22	1.60	2.18	1.40	0.126	0.016	0.533	0.054
<i>g_Fibrobacter</i>	2.47	2.56	1.91	1.92	2.19	1.52	1.98	2.05	1.14	0.177	0.417	0.239	0.996
<i>g_Ruminococcaceae_NK4A214_group</i>	1.56	2.24	2.27	1.68	1.28	2.19	1.70	2.09	1.63	0.127	0.624	0.486	0.395
<i>g_Ruminobacter</i>	2.88	1.26	0.74	0.77	3.42	1.35	1.43	0.76	2.36	0.297	0.895	0.896	0.063
<i>g_Prevellaceae_UCG-004</i>	0.92	0.84	0.74	1.88	1.86	1.97	2.22	1.65	1.22	0.182	0.052	0.711	0.894
<i>g_Ruminococcaceae_UCG-014</i>	1.84	1.44	1.66	1.63	1.39	1.45	0.99	1.48	0.74	0.121	0.158	0.787	0.665
<i>g_Treponema_2</i>	1.33	1.45	1.32	1.31	1.39	1.18	0.79	1.25	0.71	0.088	0.104	0.382	0.922
<i>g_Prevellaceae_NK3B31_group</i>	0.96	1.32	0.78	0.94	0.81	1.48	1.24	1.15	0.49	0.103	0.895	0.773	0.151
<i>g_Ruminococcus_1</i>	0.84	1.11	0.96	1.18	0.87	0.87	1.10	0.91	0.80	0.058	0.959	0.546	0.540
<i>g_Eubacterium_coprostanoligenes_group</i>	0.71	0.70	0.83	0.95	0.76	0.83	0.80	1.27	1.00	0.050	0.067	0.737	0.199
<i>g_Candidatus_Saccharimonas</i>	0.76	1.20	1.19	1.23	0.86	0.58	0.35	0.54	0.35	0.084	0.003	0.640	0.156
<i>g_Phocaecola</i>	0.86	0.67	0.62	0.68	0.66	0.96	0.88	0.80	0.43	0.047	0.827	0.449	0.067
<i>g_Lachnospiraceae_NK3A20_group</i>	0.62	0.47	0.51	1.09	0.60	0.52	1.22	0.70	0.63	0.062	0.058	0.004	0.517
<i>g_Lachnospiraceae_ND3007_group</i>	0.49	0.79	1.01	0.29	0.43	0.94	0.97	0.49	0.93	0.063	0.130	0.006	0.076
<i>g_Saccharofermentans</i>	0.70	0.61	0.83	0.92	0.65	0.71	0.67	0.42	0.70	0.039	0.201	0.056	0.585
<i>g_Moryella</i>	0.46	0.47	0.49	0.68	0.54	0.73	0.96	0.66	0.65	0.044	0.029	0.365	0.522
<i>g_Ruminococcaceae_UCG-001</i>	0.10	0.10	0.02	0.10	0.14	0.04	0.29	0.15	4.42	0.480	0.336	0.431	0.435

<i>g_Ruminococcaceae_UCG-005</i>	0.45	0.60	0.55	0.60	0.52	0.53	0.60	1.04	0.45	0.054	0.409	0.245	0.303
<i>g_Ruminococcaceae_UCG-010</i>	0.53	0.76	0.86	0.50	0.55	0.75	0.26	0.54	0.57	0.042	0.017	0.006	0.830
<i>g_Papillibacter</i>	0.53	0.54	0.68	0.44	0.57	0.88	0.43	0.47	0.46	0.041	0.166	0.097	0.460
<i>g_Veillonellaceae_UCG-001</i>	0.42	0.32	0.39	0.40	0.53	0.48	0.49	0.56	0.52	0.031	0.178	0.893	0.792
<i>g_Erysipelotrichaceae_UCG-004</i>	0.31	0.30	0.44	0.20	0.33	0.35	0.40	0.99	0.50	0.089	0.305	0.582	0.761
<i>g_Eubacterium_ruminantium_group</i>	0.30	0.32	0.32	0.60	0.33	0.46	0.59	0.37	0.35	0.036	0.190	0.175	0.573
<i>g_Butyribivrio_2</i>	0.36	0.39	0.39	0.28	0.31	0.43	0.46	0.40	0.32	0.025	0.726	0.967	0.491
<i>g_Pseudobutyrivibrio</i>	0.32	0.42	0.49	0.32	0.32	0.32	0.40	0.38	0.31	0.032	0.565	0.937	0.782
<i>g_Lachnospiraceae_XPB1014_group</i>	0.32	0.27	0.35	0.47	0.40	0.34	0.33	0.23	0.37	0.028	0.348	0.560	0.774
<i>g_Lachnospiraceae_AC2044_group</i>	0.37	0.38	0.35	0.37	0.24	0.21	0.19	0.18	0.20	0.021	0.001	0.422	0.416
<i>g_Anaeroplasma</i>	0.25	0.35	0.36	0.20	0.23	0.34	0.22	0.27	0.19	0.018	0.090	0.157	0.313
<i>g_Pyramidobacter</i>	0.30	0.29	0.14	0.21	0.35	0.36	0.23	0.26	0.19	0.026	0.451	0.536	0.438
<i>g_Anaerovorax</i>	0.22	0.23	0.24	0.28	0.20	0.34	0.29	0.25	0.20	0.015	0.428	0.495	0.206
<i>g_Aacetitomaculum</i>	0.19	0.17	0.14	0.38	0.21	0.17	0.45	0.19	0.30	0.023	0.008	0.003	0.193
<i>g_Ruminococcaceae_UCG-002</i>	0.10	0.15	0.05	0.26	0.14	0.04	0.10	0.68	0.52	0.065	0.065	0.520	0.316
<i>g_Anaerotruncus</i>	0.14	0.21	0.26	0.22	0.17	0.32	0.22	0.21	0.19	0.015	0.560	0.148	0.199
<i>g_Elusimicrobium</i>	0.19	0.31	0.21	0.20	0.11	0.09	0.10	0.28	0.15	0.028	0.358	0.450	0.627
<i>g_Eubacterium_ventriosum_group</i>	0.12	0.09	0.10	0.29	0.09	0.39	0.26	0.11	0.05	0.029	0.046	0.130	0.109
<i>g_Ruminococcaceae_V9D2013_group</i>	0.17	0.22	0.16	0.21	0.03	0.22	0.04	0.26	0.03	0.028	0.585	0.834	0.103
<i>g_Ruminiclostridium_9</i>	0.12	0.23	0.08	0.29	0.05	0.19	0.08	0.17	0.14	0.039	0.893	0.970	0.590
<i>g_Succinimonas</i>	0.26	0.18	0.09	0.12	0.24	0.13	0.08	0.07	0.16	0.021	0.308	0.757	0.188
<i>g_Uncultured</i>	0.24	0.05	0.05	0.56	0.04	0.07	0.05	0.12	0.13	0.053	0.565	0.181	0.336
<i>g_Probable_genus_10</i>	0.22	0.16	0.13	0.09	0.13	0.10	0.13	0.23	0.08	0.021	0.478	0.404	0.722
<i>g_Desulfovibrio</i>	0.15	0.10	0.16	0.15	0.11	0.17	0.18	0.10	0.15	0.009	0.934	0.018	0.909
<i>g_Bifidobacterium</i>	0.05	0.04	0.09	0.15	0.22	0.11	0.40	0.02	0.15	0.033	0.214	0.333	0.147
<i>g_Ruminococcaceae_UCG-013</i>	0.07	0.09	0.11	0.17	0.15	0.08	0.09	0.25	0.19	0.022	0.291	0.642	0.573
<i>g_Marvinbryantia</i>	0.12	0.10	0.08	0.14	0.05	0.24	0.12	0.19	0.15	0.022	0.609	0.741	0.469
<i>g_Clostridium_sensu_stricto_1</i>	0.13	0.08	0.04	0.05	0.08	0.02	0.08	0.36	0.17	0.040	0.283	0.598	0.723
<i>g_Selenomonas_1</i>	0.07	0.03	0.04	0.06	0.10	0.05	0.33	0.13	0.20	0.031	0.045	0.616	0.762

<i>g_Lachnoclostridium_10</i>	0.23	0.17	0.18	0.08	0.09	0.11	0.03	0.05	0.03	0.016	0.000	0.942	0.791
<i>g_Prevotellaceae_YAB2003_group</i>	0.14	0.11	0.10	0.06	0.13	0.07	0.18	0.12	0.06	0.018	0.684	0.533	0.724
<i>g_Oribacterium</i>	0.10	0.07	0.10	0.10	0.09	0.14	0.17	0.12	0.08	0.008	0.134	0.166	0.031
<i>g_Lachnoclostridium_1</i>	0.03	0.03	0.04	0.08	0.08	0.08	0.33	0.15	0.10	0.020	0.000	0.115	0.049

¹LE: low energy; ME: medium energy; HE: high energy. 20, 23 and 26 represent bulls slaughtered at 20, 23 and 26 months of age, respectively.