

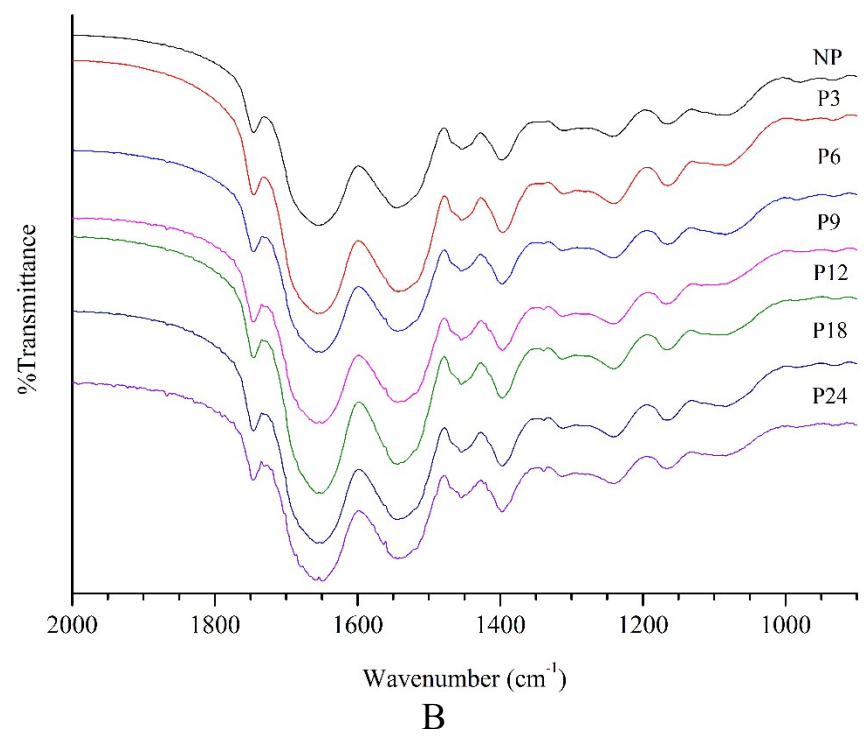
Supplementary Table S1. Relative abundances of genus-level in fermentation samples after 12h of fermentation. CK was the sample without substrate added; FOS and M0-M24 were samples fermented with fructooligosaccharide and corresponding digested glycoconjugates preparation at 0 h (M0), 3 h (M3), 6 h (M6), 9 h (M9), 12 h (M12), 18 h (M18) and 24 h (M24) of heating, respectively. Values were expressed as the mean ± standard deviations (n = 3).

Phylum	Genus	CK	FOS	M0	M3	M6	M9	M12	M18	M24
Firmicutes	[Eubacterium]_nodatum_group	0.20±0.04	0.10±0.00	0.21±0.00	0.21±0.01	0.16±0.05	0.16±0.01	0.32±0.00	0.30±0.03	0.32±0.02
	Megasphaera	10.69±1.04	12.52±1.19	6.86±0.13	6.82±0.22	6.58±1.11	5.18±0.80	7.99±0.49	8.09±0.65	7.48±0.27
	Faecalitalea	0.17±0.07	0.11±0.01	0.22±0.02	0.22±0.03	0.24±0.01	0.24±0.01	0.25±0.05	0.28±0.01	0.29±0.02
	Blautia	1.73±0.14	0.84±0.02	2.16±0.15	2.40±0.25	2.04±0.07	2.40±0.05	2.49±0.22	2.34±0.15	2.49±0.20
	Ruminococcaceae_UCG-003	0.69±0.04	0.35±0.01	0.55±0.03	0.57±0.01	0.56±0.13	0.59±0.06	0.82±0.01	0.88±0.06	0.67±0.03
	Enterococcus	1.58±0.03	2.38±0.15	3.26±0.02	3.04±0.20	3.17±0.01	2.51±0.39	2.97±0.03	2.91±0.16	2.82±0.06
	Peptostreptococcus	2.12±0.11	1.27±0.08	1.96±0.00	1.17±0.02	1.93±0.21	1.13±0.31	2.51±0.05	2.62±0.12	2.85±0.28
	Allisonella	2.33±0.18	1.13±0.02	2.22±0.14	2.29±0.01	1.92±0.10	2.14±0.41	2.09±0.08	2.39±0.06	2.43±0.03
	Lachnospiraceae_UCG-004	1.83±0.08	0.51±0.02	0.95±0.12	1.09±0.06	0.97±0.08	1.27±0.06	1.10±0.06	1.06±0.01	1.12±0.09
	Lachnoclostridium	5.43±0.43	1.73±0.07	5.70±0.46	5.75±0.07	5.02±0.15	5.17±0.23	6.48±0.16	6.52±0.40	6.67±0.75
	Mitsuokella	0.68±0.04	2.64±0.03	0.18±0.02	0.11±0.02	0.17±0.00	0.09±0.10	0.10±0.00	0.19±0.00	0.03±0.00
	Clostridium_sensu_stricto_1	1.70±0.16	3.09±0.00	3.78±0.36	3.09±0.38	3.83±0.78	3.40±0.22	2.73±0.32	3.04±0.28	2.65±0.09
	Erysipelatoclostridium	0.74±0.04	0.50±0.04	1.87±0.03	1.48±0.16	1.69±0.09	0.75±0.05	1.19±0.04	0.96±0.03	1.04±0.02
	Hungatella	0.23±0.03	0.17±0.02	0.44±0.06	0.53±0.03	0.42±0.01	0.50±0.00	0.52±0.01	0.49±0.07	0.55±0.06
	Streptococcus	7.20±0.29	46.02±1.45	7.36±0.25	6.42±0.43	7.66±0.71	6.06±0.48	4.50±0.19	6.45±0.55	4.24±0.06
	Dorea	2.40±0.21	1.07±0.04	3.79±0.42	3.94±0.18	3.30±0.08	3.45±0.07	4.41±0.28	4.32±0.17	4.90±0.46
	Phascolarctobacterium	3.04±0.10	1.63±0.12	3.69±0.02	3.88±0.21	3.59±0.29	3.80±0.00	3.77±0.17	3.82±0.29	4.12±0.03
	Planococcus	0.01±0.00	0.01±0.01	0.00±0.00	0.00±0.00	1.16±1.64	0.03±0.05	0.01±0.00	0.01±0.01	0.00±0.00
Flavonifractor	0.35±0.03	0.18±0.06	0.57±0.07	0.58±0.03	0.54±0.15	0.59±0.05	0.51±0.00	0.49±0.01	0.50±0.05	
Lactobacillus	0.09±0.01	0.22±0.05	0.15 ±0.06	0.12 ±0.01	0.08 ±0.01	0.17 ±0.11	0.11 ±0.02	0.13 ±0.01	0.08±0.01	
Bacteroidetes	Salinimicrobium	0.20±0.22	0.19±0.26	0.00±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.16±0.17	0.14±0.20	0.00±0.00
	Fodinibius	0.22±0.29	0.02±0.02	0.00±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.17±0.23	0.02±0.02	0.00±0.00
	Bacteroides	27.05±2.57	4.89±0.51	27.37±0.26	28.59±0.50	26.18±4.97	29.05±4.64	23.79±3.88	20.76±0.87	28.12±0.34
	Gillisia	0.02±0.03	0.02±0.03	0.00±0.00	0.00±0.00	0.39±0.55	0.02±0.03	0.01±0.02	0.02±0.02	0.00±0.00
	Parabacteroides	3.90±0.16	1.24±0.01	7.19±0.13	6.48±0.06	6.54±0.69	5.49±0.79	4.67±0.24	4.31±0.39	5.47±0.18

Proteobacteria	Sutterella	0.92±0.01	0.47±0.02	0.51±0.02	0.56±0.01	0.60±0.00	0.65±0.05	0.53±0.00	0.57±0.07	0.54±0.04
	Pseudomonas	0.21±0.27	0.08±0.08	0.00±0.00	0.00±0.00	0.31±0.44	0.06±0.03	0.16±0.18	0.05±0.05	0.00±0.00
	Marinicella	0.08±0.05	0.24±0.31	0.00±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.01±0.01	0.10±0.07	0.25±0.31	0.00±0.00
	Thiobacillus	0.02±0.02	0.01±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.18±0.26	0.05±0.06	0.00±0.00	0.00±0.00
	Escherichia-Shigella	10.62±1.79	8.03±1.06	15.10±2.20	17.03±0.66	16.78±2.33	15.64±1.04	12.03±2.47	15.98±2.10	16.24±1.96
Actinobacteria	Eggerthella	0.27±0.01	0.20±0.00	0.30±0.00	0.22±0.00	0.22±0.15	0.18±0.06	0.52±0.04	0.44±0.04	0.55±0.02
	Collinsella	0.16 ±0.01	0.11 ±0.00	0.18 ±0.00	0.16 ±0.01	0.14 ±0.07	0.14 ±0.03	0.40 ±0.01	0.31 ±0.00	0.27 ±0.02
	Mycobacterium	0.11±0.08	0.22±0.07	0.00±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.10±0.07	0.21±0.11	0.00±0.00
	Dietzia	0.00±0.00	0.01±0.00	0.00±0.00	0.00±0.00	0.22±0.31	0.00±0.00	0.00±0.00	0.01±0.00	0.00±0.00
	Nitrospirillum	0.21±0.25	0.03±0.01	0.00±0.00	0.00±0.00	0.01±0.01	0.01±0.01	0.16±0.18	0.03±0.01	0.00±0.00
	Bifidobacterium	0.08±0.00	0.09±0.01	0.10±0.05	0.08±0.02	0.13±0.10	0.13±0.00	0.13±0.00	0.12±0.01	0.11±0.03
Fusobacteria	Fusobacterium	0.45±0.17	0.37±0.03	0.73±0.09	0.60±0.03	0.50±0.03	0.65±0.14	0.50±0.12	0.57±0.01	0.54±0.02

Supplementary Fig. S1. Sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) (A) and Fourier transform infrared spectroscopy (FTIR) analysis (B) of native myofibrillar proteins (NP) and control heated myofibrillar proteins for 3 h (P3), 6 h (P6), 9 h (P9), 12 h (P12), 18 h (P18), 24 h (P24) of heating. M, marker; 1, NP; 2, P3; 3, P6; 4, P9; 5, P12; 6, P18; 7, P24.

Supplementary Fig. S2. A representative gas chromatograph-mass spectrometry (GC-MS) chromatogram from sample of batch culture after 12 h of fermentation using digested glycoconjugates preparation at 9 h of heating.



Supplementary Fig. S2

