

Table S4. Microbes that affected by different treatments.

Name	Chow-Mean (%)	Chow-Sd (%)	HFD-Mean (%)	HFD-Sd (%)	FBT-Mean (%)	FBT-Sd (%)	P value	Corrected p value
Phylum Level								
p__Synergistetes	0.049	0.002	0.067	0.015	0.042	0.004	0.012	0.148
p__Ignavibacteriae	0.019	0.002	0.030	0.010	0.014	0.003	0.016	0.148
p__Verrucomicrobia	0.016	0.002	0.016	0.010	6.211	7.048	0.024	0.151
p__unclassified_d__unclassified	0.395	0.015	0.320	0.030	0.285	0.055	0.035	0.156
p__unclassified_d__Bacteria	0.597	0.037	0.507	0.044	0.714	0.158	0.041	0.156
Genus Level								
g__unclassified_p__Firmicutes	9.289	0.247	7.106	1.914	6.800	1.152	0.049	0.155
g__Akkermansia	0.016	0.002	0.016	0.010	6.211	7.048	0.024	0.124
g__Desulfovibrio	6.340	0.397	8.527	2.517	4.420	0.532	0.016	0.124
g__Alistipes	2.040	0.072	1.386	0.510	2.861	0.808	0.028	0.124
g__Bilophila	3.265	0.148	4.420	1.316	2.293	0.270	0.016	0.124
g__Roseburia	1.262	0.191	2.076	0.350	1.122	0.254	0.027	0.124
g__Anaerotruncus	1.655	0.097	1.639	0.113	0.917	0.225	0.029	0.124
g__unclassified_d__Bacteria	0.597	0.037	0.507	0.044	0.714	0.158	0.041	0.148
g__Azospirillum	0.140	0.035	0.111	0.039	0.473	0.084	0.027	0.124
g__Lawsonia	0.506	0.037	0.669	0.200	0.359	0.048	0.020	0.124
g__Acinetobacter	0.051	0.016	0.094	0.038	0.313	0.153	0.016	0.124
g__unclassified_d__unclassified	0.395	0.015	0.320	0.030	0.285	0.055	0.035	0.139
g__unclassified_p__Proteobacteria	0.055	0.029	0.033	0.021	0.258	0.086	0.024	0.124
g__unclassified_p__Bacteroidetes	0.167	0.014	0.135	0.053	0.252	0.041	0.024	0.124
g__Peptoclostridium	0.169	0.008	0.170	0.014	0.141	0.017	0.046	0.154

g__Enterobacter	0.006	0.000	0.017	0.006	0.131	0.243	0.045	0.154
g__Tannerella	0.113	0.013	0.071	0.025	0.115	0.012	0.030	0.124
g__Acetobacter	0.021	0.001	0.029	0.004	0.101	0.092	0.012	0.124
g__Desulfomicrobium	0.138	0.003	0.200	0.059	0.098	0.014	0.012	0.124
g__Desulfitobacterium	0.124	0.015	0.151	0.041	0.093	0.011	0.024	0.124
g__Sanguibacteroides	0.069	0.007	0.050	0.013	0.090	0.028	0.024	0.124
g__Porphyromonas	0.063	0.010	0.045	0.013	0.082	0.014	0.028	0.124
g__Coprobacter	0.089	0.008	0.043	0.017	0.074	0.003	0.012	0.124
g__Dysgonomonas	0.067	0.005	0.041	0.010	0.074	0.013	0.027	0.124
g__unclassified_f__Oscillospiraceae	0.123	0.023	0.080	0.021	0.067	0.019	0.040	0.148
g__Holdemania	0.054	0.002	0.074	0.019	0.052	0.004	0.027	0.124
g__Desulfonauticus	0.059	0.004	0.086	0.027	0.043	0.006	0.012	0.124
g__Desulfocurvus	0.047	0.005	0.062	0.018	0.032	0.005	0.020	0.124
g__Oxalobacter	0.041	0.004	0.063	0.018	0.031	0.004	0.012	0.124
g__Lachnoanaerobaculum	0.028	0.002	0.042	0.009	0.027	0.006	0.048	0.155
g__Desulfonatronum	0.037	0.001	0.057	0.017	0.027	0.004	0.012	0.124
g__Cellulosilyticum	0.037	0.003	0.043	0.006	0.027	0.008	0.021	0.124
g__Selenomonas	0.035	0.004	0.044	0.009	0.027	0.007	0.038	0.146
g__Synergistes	0.033	0.001	0.054	0.014	0.027	0.005	0.016	0.124
g__Desulfohalobium	0.034	0.002	0.059	0.017	0.025	0.004	0.012	0.124
g__Candidatus_Stoquefichus	0.033	0.004	0.034	0.004	0.024	0.004	0.027	0.124
g__Christensenella	0.036	0.007	0.024	0.004	0.023	0.004	0.045	0.154
g__Catonella	0.027	0.005	0.037	0.007	0.023	0.006	0.020	0.124
g__Mucinivorans	0.016	0.002	0.010	0.002	0.022	0.003	0.016	0.124
g__Dielma	0.029	0.002	0.027	0.004	0.021	0.004	0.042	0.148
g__Syntrophobotulus	0.017	0.002	0.033	0.012	0.017	0.005	0.048	0.155

g_Faecalitalea	0.035	0.024	0.026	0.006	0.016	0.003	0.030	0.124
g_Proteocatella	0.021	0.003	0.031	0.006	0.016	0.002	0.012	0.124
g_unclassified_f_Peptococcaceae	0.013	0.000	0.018	0.004	0.015	0.002	0.028	0.124
g_Melioribacter	0.019	0.002	0.030	0.010	0.014	0.003	0.016	0.124
g_Frischella	0.017	0.001	0.026	0.008	0.012	0.001	0.012	0.124
g_Dethiosulfatarculus	0.018	0.003	0.024	0.007	0.012	0.002	0.020	0.124
g_Tepidanaerobacter	0.011	0.000	0.024	0.005	0.012	0.003	0.030	0.124
g_Desulfonatronovibrio	0.020	0.004	0.023	0.007	0.012	0.002	0.027	0.124
g_Youngiibacter	0.011	0.001	0.008	0.002	0.012	0.002	0.029	0.124
g_Flavobacterium	0.006	0.000	0.005	0.001	0.012	0.004	0.029	0.124
g_unclassified_c_Deltaproteobacteria	0.012	0.001	0.027	0.008	0.011	0.002	0.027	0.124
g_Thermonema	0.004	0.001	0.004	0.001	0.010	0.005	0.041	0.148
g_Lachnospira	0.013	0.003	0.018	0.003	0.010	0.001	0.038	0.146
g_Dehalobacter	0.028	0.006	0.018	0.008	0.009	0.004	0.016	0.124
g_Agrobacterium	0.012	0.002	0.022	0.007	0.009	0.002	0.012	0.124
g_Capnocytophaga	0.006	0.001	0.004	0.001	0.009	0.003	0.020	0.124
g_Slackia	0.014	0.000	0.008	0.002	0.008	0.003	0.050	0.155
Species Level								
s_Firmicutes_bacterium_ASF500	5.327	0.351	3.531	0.854	4.077	0.849	0.041	0.196
s_Akkermansia_muciniphila	0.010	0.002	0.011	0.006	3.719	4.222	0.030	0.182
s_Akkermansia_muciniphila_CAG:154	0.003	0.001	0.002	0.002	2.358	2.681	0.024	0.182
s_Bacteroides_sp._CAG:927	2.886	0.127	1.457	0.750	1.973	0.663	0.035	0.194
s_Bilophila_wadsworthia	1.754	0.100	2.294	0.687	1.213	0.150	0.020	0.182
s_Desulfovibrio_vulgaris	1.307	0.079	1.725	0.502	0.916	0.126	0.020	0.182
s_Lachnospiraceae_bacterium_28-4	2.066	1.245	7.276	4.611	0.813	0.550	0.021	0.182
s_Bilophila_sp._4_1_30	1.025	0.039	1.470	0.439	0.745	0.078	0.012	0.182

s__Anaerotruncus_sp._G3(2012)	1.334	0.071	1.398	0.092	0.682	0.166	0.024	0.182
s__Lachnospiraceae_bacterium_A4	1.044	0.332	1.294	0.462	0.640	0.123	0.046	0.206
s__Lachnospiraceae_bacterium_COE1	0.592	0.106	1.101	0.408	0.500	0.202	0.029	0.182
s__Desulfovibrio_piger	0.654	0.032	0.949	0.282	0.473	0.056	0.012	0.182
s__Desulfovibrio_fairfieldensis	0.634	0.089	0.898	0.286	0.435	0.036	0.020	0.182
s__Desulfovibrio_desulfuricans	0.591	0.032	0.768	0.221	0.404	0.052	0.020	0.182
s__unclassified_g__Desulfovibrio	0.516	0.073	0.711	0.217	0.363	0.039	0.020	0.182
s__Lawsonia_intracellularis	0.506	0.037	0.669	0.200	0.359	0.048	0.020	0.182
s__unclassified_g__Bilophila	0.487	0.012	0.656	0.190	0.336	0.043	0.020	0.182
s__Prevotella_sp._CAG:279	0.490	0.038	0.247	0.126	0.328	0.092	0.035	0.194
s__Alistipes_finegoldii	0.203	0.020	0.145	0.053	0.310	0.130	0.020	0.182
s__Azospirillum_sp._CAG:239	0.076	0.020	0.060	0.019	0.263	0.053	0.024	0.182
s__uncultured_prokaryote	0.384	0.013	0.310	0.029	0.261	0.058	0.028	0.182
s__Proteobacteria_bacterium_CAG:495	0.055	0.029	0.033	0.021	0.258	0.086	0.024	0.182
s__Desulfovibrio_alaskensis	0.363	0.020	0.492	0.144	0.254	0.034	0.020	0.182
s__Roseburia_intestinalis	0.258	0.038	0.455	0.075	0.233	0.059	0.030	0.182
s__Roseburia_inulinivorans	0.271	0.040	0.354	0.073	0.219	0.053	0.048	0.206
s__Desulfovibrio_sp._A2	0.316	0.012	0.407	0.117	0.219	0.030	0.020	0.182
s__Azospirillum_sp._CAG:260	0.064	0.015	0.051	0.020	0.210	0.031	0.027	0.182
s__unclassified_g__Oscillibacter	0.443	0.091	0.268	0.079	0.209	0.073	0.040	0.196
s__Desulfovibrio_sp._3_1_syn3	0.293	0.043	0.397	0.124	0.203	0.018	0.020	0.182
s__Desulfovibrio_sp._6_1_46AFAA	0.276	0.039	0.386	0.119	0.196	0.019	0.020	0.182
s__Helicobacter_rodentium	1.007	0.232	0.316	0.186	0.188	0.103	0.035	0.194
s__Desulfovibrio_termitidis	0.261	0.013	0.345	0.106	0.183	0.027	0.020	0.182
s__Clostridium_sp._KNHs209	0.330	0.081	0.469	0.203	0.182	0.039	0.027	0.182
s__uncultured_bacterium	0.213	0.008	0.186	0.013	0.180	0.007	0.045	0.206

s__Desulfovibrio_cuneatus	0.256	0.012	0.311	0.087	0.178	0.027	0.024	0.182
s__Acinetobacter_sp._CAG:196	0.040	0.017	0.059	0.045	0.174	0.065	0.042	0.197
s__Roseburia_hominis	0.150	0.020	0.464	0.161	0.161	0.026	0.027	0.182
s__unclassified_g__Alistipes	0.103	0.011	0.074	0.027	0.159	0.070	0.028	0.182
s__Barnesiella_viscericola	0.174	0.013	0.095	0.043	0.138	0.022	0.035	0.194
s__Akkermansia_sp._KLE1797	0.003	0.001	0.003	0.003	0.135	0.146	0.046	0.206
s__unclassified_g__Enterobacter	0.006	0.000	0.017	0.006	0.131	0.243	0.045	0.206
s__Firmicutes_bacterium_CAG:114	0.172	0.018	0.113	0.012	0.131	0.018	0.022	0.182
s__Firmicutes_bacterium_CAG:129	0.314	0.097	0.184	0.052	0.126	0.056	0.040	0.196
s__Alistipes_putredinis	0.071	0.001	0.057	0.029	0.123	0.040	0.049	0.206
s__Clostridium_sp._KLE_1755	0.174	0.041	0.244	0.078	0.120	0.033	0.048	0.206
s__Firmicutes_bacterium_CAG:102	0.185	0.016	0.062	0.039	0.119	0.042	0.028	0.182
s__Desulfovibrio_acrylicus	0.165	0.011	0.226	0.065	0.115	0.016	0.020	0.182
s__Parabacteroides_johnsonii	0.078	0.012	0.033	0.017	0.108	0.046	0.027	0.182
s__Oscillibacter_sp._CAG:241	0.255	0.079	0.149	0.044	0.105	0.041	0.040	0.196
s__Acetobacter_sp._CAG:267	0.021	0.001	0.029	0.004	0.101	0.092	0.012	0.182
s__Firmicutes_bacterium_CAG:83	0.254	0.074	0.141	0.043	0.096	0.044	0.040	0.196
s__Alistipes_sp._HGB5	0.064	0.006	0.043	0.015	0.096	0.040	0.021	0.182
s__Barnesiella_intestinihominis	0.111	0.012	0.064	0.028	0.089	0.011	0.040	0.196
s__Alistipes_sp._CAG:53	0.059	0.009	0.037	0.012	0.084	0.039	0.020	0.182
s__Bacteroides_thetaiotaomicron_CAG:40	0.011	0.001	0.006	0.002	0.079	0.092	0.012	0.182
s__Blautia_hydrogenotrophica	0.090	0.002	0.098	0.017	0.072	0.009	0.041	0.196
s__Alistipes_indistinctus	0.042	0.004	0.038	0.017	0.067	0.007	0.030	0.182
s__Oscillospiraceae_bacterium_VE202-24	0.123	0.023	0.080	0.021	0.067	0.019	0.040	0.196
s__Desulfomicrobium_orale	0.083	0.003	0.114	0.035	0.059	0.008	0.016	0.182
s__Alistipes_onderdonkii	0.039	0.004	0.027	0.009	0.059	0.026	0.028	0.182

s__Desulfovibrio_frigidus	0.083	0.006	0.106	0.031	0.055	0.007	0.020	0.182
s__Coprobacter_secundus	0.063	0.006	0.033	0.013	0.054	0.004	0.016	0.182
s__Desulfovibrio_salexigens	0.073	0.003	0.112	0.034	0.054	0.006	0.012	0.182
s__[Clostridium]_saccharolyticum	0.060	0.011	0.069	0.008	0.046	0.007	0.035	0.194
s__Desulfonauticus_sp._38_4375	0.059	0.004	0.086	0.027	0.043	0.006	0.012	0.182
s__Alistipes_inops	0.020	0.003	0.018	0.004	0.039	0.011	0.029	0.182
s__Campylobacter_coli	0.070	0.006	0.072	0.022	0.039	0.005	0.030	0.182
s__Oscillibacter_sp._KLE_1728	0.083	0.013	0.050	0.018	0.039	0.013	0.040	0.196
s__Sanguibacteroides_justesenii	0.033	0.003	0.022	0.005	0.039	0.009	0.029	0.182
s__Helicobacter_sp._MIT_11-5569	0.112	0.017	0.060	0.026	0.038	0.013	0.041	0.196
s__Bacteroides_sp._CAG:144	0.036	0.005	0.023	0.007	0.038	0.006	0.027	0.182
s__Desulfovibrio_hydrothermalis	0.052	0.004	0.072	0.022	0.037	0.002	0.020	0.182
s__Desulfovibrio_putialis	0.060	0.007	0.060	0.017	0.037	0.006	0.046	0.206
s__Sanguibacteroides_sp._GM7	0.026	0.004	0.020	0.006	0.036	0.009	0.028	0.182
s__Clostridia_bacterium_UC5.1-1D10	0.057	0.003	0.025	0.010	0.036	0.011	0.035	0.194
s__Desulfitobacterium_dichloroeliminans	0.056	0.006	0.075	0.022	0.036	0.006	0.016	0.182
s__Clostridium_butyricum	0.045	0.003	0.059	0.014	0.036	0.007	0.020	0.182
s__Bacteroides_sp._CAG:702	0.040	0.003	0.024	0.010	0.036	0.002	0.022	0.182
s__Clostridiales_bacterium_VE202-13	0.056	0.003	0.054	0.008	0.036	0.011	0.046	0.206
s__Firmicutes_bacterium_CAG:466	0.056	0.006	0.026	0.010	0.035	0.010	0.041	0.196
s__Bacteroides_sp._HPS0048	0.030	0.004	0.016	0.006	0.033	0.010	0.048	0.206
s__[Clostridium]_clariflavum	0.046	0.004	0.061	0.004	0.033	0.008	0.012	0.182
s__Desulfocurvus_vexinensis	0.047	0.005	0.062	0.018	0.032	0.005	0.020	0.182
s__Holdemania_massiliensis	0.035	0.002	0.055	0.016	0.032	0.004	0.024	0.182
s__Oxalobacter_formigenes	0.041	0.004	0.063	0.018	0.031	0.004	0.012	0.182
s__Desulfovibrio_piezophilus	0.043	0.004	0.061	0.017	0.030	0.003	0.016	0.182

s__Lachnospiraceae_bacterium_5_1_57FA	0.047	0.009	0.043	0.006	0.030	0.005	0.042	0.197
A								
s__Tannerella_forsythia	0.024	0.003	0.018	0.005	0.030	0.006	0.016	0.182
s__Desulfovibrio_sp._L21-Syr-AB	0.041	0.003	0.061	0.020	0.030	0.004	0.016	0.182
s__Bacteroides_sp._CAG:661	0.027	0.003	0.016	0.007	0.029	0.002	0.041	0.196
s__Desulfovibrio_bastinii	0.040	0.003	0.057	0.015	0.029	0.004	0.016	0.182
s__Lachnospiraceae_bacterium_FE2018	0.034	0.005	0.051	0.016	0.029	0.008	0.048	0.206
s__Clostridium_sp._CAG:1024	0.069	0.023	0.042	0.011	0.028	0.012	0.040	0.196
s__Desulfovibrio_gigas	0.040	0.001	0.054	0.014	0.028	0.004	0.012	0.182
s__Lachnoanaerobaculum_saburreum	0.028	0.002	0.042	0.009	0.027	0.006	0.048	0.206
s__Selenomonas_ruminantium	0.035	0.004	0.044	0.009	0.027	0.007	0.038	0.196
s__Bacteroides_sp._CAG:714	0.018	0.002	0.013	0.006	0.026	0.006	0.024	0.182
s__Bacteroides_graminisolvens	0.020	0.002	0.012	0.002	0.025	0.006	0.020	0.182
s__Clostridium_sp._ASBs410	0.038	0.004	0.041	0.010	0.025	0.002	0.029	0.182
s__bacterium_P201	0.013	0.003	0.012	0.004	0.025	0.009	0.048	0.206
s__Dysgonomonas_macrotermitis	0.021	0.001	0.014	0.004	0.025	0.006	0.024	0.182
s__Desulfohalobium_rethaense	0.034	0.002	0.059	0.017	0.025	0.004	0.012	0.182
s__Tannerella_sp._CAG:118	0.024	0.001	0.013	0.005	0.025	0.001	0.027	0.182
s__Desulfovibrio_inopinatus	0.042	0.009	0.045	0.012	0.024	0.004	0.029	0.182
s__Desulfomicrobium_escambiense	0.035	0.002	0.054	0.015	0.024	0.005	0.012	0.182
s__Tannerella_sp._6_1_58FAA_CT1	0.032	0.004	0.017	0.007	0.024	0.004	0.035	0.194
s__Christensenella_minuta	0.036	0.007	0.024	0.004	0.023	0.004	0.045	0.206
s__Ruminococcus_sp._AT10	0.034	0.002	0.026	0.004	0.023	0.003	0.041	0.196
s__[Eubacterium]_hallii	0.025	0.005	0.033	0.007	0.023	0.002	0.035	0.194
s__Catonella_morbi	0.027	0.005	0.037	0.007	0.023	0.006	0.020	0.182
s__Prevotella_brevis	0.023	0.003	0.013	0.005	0.022	0.004	0.030	0.182

s__Clostridium_sp._CAG:632	0.029	0.007	0.041	0.004	0.022	0.005	0.024	0.182
s__Mucinivorans_hirudinis	0.016	0.002	0.010	0.002	0.022	0.003	0.016	0.182
s__Clostridium_sp._C105KSO15	0.041	0.003	0.028	0.008	0.021	0.002	0.035	0.194
s__Oscillibacter_sp._KLE_1745	0.050	0.013	0.026	0.006	0.021	0.008	0.041	0.196
s__Clostridium_sp._CAG:505	0.028	0.002	0.013	0.005	0.021	0.004	0.031	0.184
s__Dielma_fastidiosa	0.029	0.002	0.027	0.004	0.021	0.004	0.042	0.197
s__Paludibacter_propionigenes	0.014	0.002	0.010	0.002	0.020	0.007	0.024	0.182
s__[Clostridium]_cellulosi	0.021	0.002	0.012	0.003	0.020	0.002	0.024	0.182
s__Roseburia_intestinalis_CAG:13	0.024	0.004	0.042	0.010	0.020	0.005	0.027	0.182
s__Coprobacter_fastidiosus	0.026	0.002	0.010	0.004	0.020	0.002	0.012	0.182
s__Desulfovibrio_longus	0.028	0.004	0.049	0.015	0.020	0.004	0.012	0.182
s__Desulfovibrio_oxyclinae	0.026	0.001	0.038	0.012	0.019	0.003	0.016	0.182
s__Ruminococcus_sp._CAG:353	0.033	0.006	0.027	0.005	0.019	0.003	0.029	0.182
s__Cellulosilyticum_lentocellum	0.023	0.003	0.032	0.006	0.018	0.005	0.020	0.182
s__Desulfovibrio_magneticus	0.026	0.002	0.030	0.008	0.018	0.003	0.027	0.182
s__[Clostridium]_celerecrescens	0.027	0.005	0.027	0.005	0.018	0.003	0.046	0.206
s__[Clostridium]_josui	0.015	0.002	0.031	0.008	0.018	0.003	0.027	0.182
s__Eggerthella_sp._CAG:1427	0.013	0.002	0.012	0.001	0.018	0.002	0.024	0.182
s__Porphyromonas_crevioricanis	0.009	0.000	0.010	0.003	0.018	0.002	0.024	0.182
s__Prevotella_nigrescens	0.024	0.001	0.014	0.007	0.018	0.004	0.041	0.196
s__Prevotella_sp._CAG:732	0.011	0.001	0.008	0.003	0.018	0.003	0.020	0.182
s__Tannerella_sp._oral_taxon_BU063	0.013	0.001	0.010	0.003	0.017	0.003	0.048	0.206
s__unclassified_f_Porphyromonadaceae	0.025	0.003	0.013	0.006	0.017	0.002	0.041	0.196
s__Desulfovibrio_alkalitolerans	0.024	0.001	0.034	0.009	0.017	0.002	0.012	0.182
s__Ruminococcus_sp._CAG:488	0.034	0.006	0.025	0.005	0.017	0.004	0.022	0.182
s__Syntrophobotulus_glycolicus	0.017	0.002	0.033	0.012	0.017	0.005	0.048	0.206

s__Clostridium_clostridioforme_CAG:132	0.020	0.004	0.024	0.002	0.017	0.002	0.038	0.196
s__uncultured_bacterium_Rlip1	0.019	0.001	0.010	0.004	0.016	0.002	0.029	0.182
s__Acetobacterium_woodii	0.019	0.000	0.027	0.006	0.016	0.001	0.012	0.182
s__uncultured_organism	0.010	0.002	0.007	0.002	0.016	0.005	0.038	0.196
s__Desulfonatronum_thioautotrophicum	0.022	0.002	0.034	0.010	0.016	0.002	0.012	0.182
s__Faecalitalea_cylindroides	0.035	0.024	0.026	0.006	0.016	0.003	0.030	0.182
s__Roseburia_inulinivorans_CAG:15	0.016	0.002	0.025	0.007	0.016	0.004	0.030	0.182
s__Prevotella_paludivivens	0.016	0.002	0.009	0.003	0.016	0.001	0.030	0.182
s__Desulfomicrobium_baculatum	0.021	0.001	0.031	0.009	0.016	0.002	0.012	0.182
s__Proteocatella_sphenisci	0.021	0.003	0.031	0.006	0.016	0.002	0.012	0.182
s__Porphyromonas_gingivicanis	0.016	0.001	0.010	0.004	0.016	0.003	0.046	0.206
s__Synergistes_sp._3_1_syn1	0.019	0.002	0.029	0.008	0.015	0.002	0.021	0.182
s__[Clostridium]_aerotolerans	0.022	0.002	0.024	0.005	0.015	0.002	0.029	0.182
s__Peptococcaceae_bacterium_BRH_c23	0.013	0.000	0.018	0.004	0.015	0.002	0.028	0.182
s__Clostridium_sp._12(A)	0.028	0.006	0.033	0.003	0.014	0.003	0.024	0.182
s__Desulfovibrio_fructosivorans	0.018	0.000	0.026	0.007	0.014	0.003	0.024	0.182
s__Candidatus_Stoquefichus_sp._SB1	0.022	0.001	0.024	0.004	0.014	0.003	0.024	0.182
s__Dysgonomonas_sp._BGC7	0.014	0.001	0.007	0.002	0.014	0.004	0.029	0.182
s__Desulfovibrio_brasiliensis	0.021	0.000	0.031	0.009	0.014	0.002	0.012	0.182
s__Ruminococcus_sp._CAG:17	0.019	0.001	0.014	0.004	0.014	0.002	0.049	0.206
s__Melioribacter_roseus	0.019	0.002	0.030	0.010	0.014	0.003	0.016	0.182
s__Anaerostipes_caccae	0.015	0.005	0.022	0.002	0.014	0.002	0.029	0.182
s__Dysgonomonas_gadei	0.012	0.001	0.007	0.003	0.013	0.001	0.020	0.182
s__Clostridium_sp._L2-50	0.016	0.002	0.019	0.003	0.013	0.001	0.035	0.194
s__unclassified_c__Clostridia	0.010	0.001	0.007	0.002	0.013	0.003	0.016	0.182
s__Lachnospiraceae_bacterium_MA2020	0.018	0.002	0.021	0.002	0.013	0.002	0.016	0.182

s__Prevotella_copri_CAG:164	0.010	0.001	0.006	0.002	0.013	0.003	0.020	0.182
s__Frischella_perrara	0.017	0.001	0.026	0.008	0.012	0.001	0.012	0.182
s__Dethiosulfatarculus_sandiegensis	0.018	0.003	0.024	0.007	0.012	0.002	0.020	0.182
s__Tepidanaerobacter_syntrophicus	0.011	0.000	0.024	0.005	0.012	0.003	0.030	0.182
s__Desulfonatovibrio_hydrogenovorans	0.020	0.004	0.023	0.007	0.012	0.002	0.027	0.182
s__Bacteroides_eggerthii_CAG:109	0.009	0.002	0.005	0.002	0.012	0.003	0.020	0.182
s__Lachnospiraceae_bacterium_TF01-11	0.032	0.023	0.022	0.002	0.012	0.002	0.029	0.182
s__Clostridium_tetani	0.014	0.002	0.018	0.004	0.012	0.002	0.038	0.196
s__Youngiibacter_fragilis	0.011	0.001	0.008	0.002	0.012	0.002	0.029	0.182
s__Flavobacterium_psychrophilum	0.006	0.000	0.005	0.001	0.012	0.004	0.029	0.182
s__Synergistes_jonesii	0.014	0.001	0.025	0.006	0.011	0.003	0.020	0.182
s__Clostridium_sp._BL8	0.020	0.002	0.020	0.003	0.011	0.004	0.029	0.182
s__Butyrivibrio_sp._MC2021	0.019	0.004	0.025	0.006	0.011	0.002	0.020	0.182
s__Desulfonatovibrio_lacustre	0.016	0.001	0.023	0.007	0.011	0.001	0.012	0.182
s__delta_proteobacterium_NaphS2	0.012	0.001	0.027	0.008	0.011	0.002	0.027	0.182
s__Fusobacterium_mortiferum	0.014	0.001	0.024	0.007	0.011	0.002	0.012	0.182
s__Porphyromonas_gulae	0.013	0.008	0.006	0.001	0.011	0.003	0.030	0.182
s__Desulfovibrio_aminophilus	0.016	0.001	0.017	0.004	0.011	0.002	0.030	0.182
s__Fusobacterium_necrophorum	0.012	0.002	0.023	0.005	0.010	0.002	0.024	0.182
s__Thermonema_rossianum	0.004	0.001	0.004	0.001	0.010	0.005	0.041	0.196
s__Lachnospiraceae_bacterium_MC2017	0.013	0.001	0.020	0.006	0.010	0.001	0.020	0.182
s__Dysgonomonas_capnocytophagoides	0.009	0.001	0.005	0.001	0.010	0.003	0.029	0.182
s__Alistipes_sp._CAG:157	0.006	0.000	0.005	0.001	0.010	0.003	0.024	0.182
s__Lachnospira_pectinoschiza	0.013	0.003	0.018	0.003	0.010	0.001	0.038	0.196
s__Clostridium_sp._LF2	0.010	0.002	0.019	0.006	0.010	0.002	0.030	0.182
s__Clostridiales_bacterium_oral_taxon_876	0.016	0.002	0.013	0.003	0.010	0.003	0.040	0.196

s__unclassified_g__Dehalobacter	0.028	0.006	0.018	0.008	0.009	0.004	0.016	0.182
s__Agrobacterium_rhizogenes	0.012	0.002	0.022	0.007	0.009	0.002	0.012	0.182
s__Eubacterium_sp._CAG:581	0.013	0.001	0.017	0.002	0.009	0.003	0.020	0.182
s__Capnocytophaga_cynodegmi	0.006	0.001	0.004	0.001	0.009	0.003	0.020	0.182
s__Slackia_heliotrinireducens	0.014	0.000	0.008	0.002	0.008	0.003	0.050	0.208