

Additional file 2. Table S2. Changes in microbiota composition between G1 and G3 groups, expressed as Log2 ratio, at the level of Phylum, Family and Genus. FDR p-value is indicated. 16w: 16 weeks post inoculation; 18w: 18 weeks post inoculation; EP: end point.

Phylum	G3 vs G1 16w - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 16w - FDR p- value	G3 vs G1 18w - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 18w - FDR p-value	G3 vs G1 EP - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 EP - FDR p-value
<i>Acidobacteria</i>	-0,02	0,9902	-0,25	0,9708	-0,19	0,9884
<i>Actinobacteria</i>	-0,60	0,9849	-0,87	0,3543	-0,36	0,9884
<i>Bacteroidetes</i>	0,07	0,9849	0,03	0,9708	0,02	0,9884
BRC1	-0,21	0,9849	-0,25	0,9708	-0,19	0,9884
<i>Chloroflexi</i>	0,73	0,9849	-2,21	0,3543	-0,20	0,9884
<i>Chrysiogenetes</i>	-0,21	0,9849	-0,25	0,9708	-0,19	0,9884
<i>Cyanobacteria</i>	-0,26	0,9849	0,26	0,9708	-0,20	0,9884
<i>Deferribacteres</i>	0,18	0,9849	1,36	0,3543	-0,01	0,9884
<i>Deinococcus-Thermus</i>	-0,21	0,9849	-3,29	0,3543	-1,29	0,9884
<i>Elusimicrobia</i>	0,41	0,9849	3,94	0,0975	-1,13	0,9884
<i>Epsilonbacteraeota</i>	0,65	0,9849	1,21	0,3499	1,01	0,9884
<i>Euryarchaeota</i>	-0,21	0,9849	-0,25	0,9708	-2,35	0,9884
<i>Firmicutes</i>	-0,57	0,9849	-0,47	0,4738	-0,41	0,9884
<i>Fusobacteria</i>	-0,19	0,9849	-3,32	0,0975	-0,21	0,9884
<i>Gemmatimonadetes</i>	-0,21	0,9849	-0,25	0,9708	-0,19	0,9884
<i>Lentisphaerae</i>	2,30	0,7178	-0,02	0,9887	-3,20	0,6882
<i>Patescibacteria</i>	1,27	0,7178	0,05	0,9708	-0,02	0,9884
<i>Planctomycetes</i>	-0,74	0,9849	-0,25	0,9708	-0,79	0,9884
<i>Proteobacteria</i>	-0,77	0,9849	-1,27	0,3499	-0,83	0,9884
<i>Spirochaetes</i>	-1,23	0,9849	-1,79	0,3543	-0,10	0,9884
<i>Synergistetes</i>	-0,21	0,9849	-2,45	0,4738	-1,91	0,9884
<i>Tenericutes</i>	0,77	0,9849	0,59	0,7113	0,44	0,9884
<i>Verrucomicrobia</i>	0,08	0,9849	-0,42	0,9708	0,49	0,9884
WPS-2	-0,21	0,9849	-0,25	0,9708	-0,19	0,9884

Family	G3 vs G1 16w - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 16w FDR p-value	G3 vs G1 18w - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 18w - FDR p-value	G3 vs G1 EP - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 EP - FDR p-value
A4b	-0,51	0,8782	-2,84	0,6161	-0,11	0,9859
Acetobacteraceae	1,04	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Acidaminococcaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Actinomycetaceae	-0,40	0,8782	0,54	0,9455	-0,04	0,9900
Aerococcaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,12	0,9859
Aeromonadaceae	-0,51	0,8782	1,05	0,9455	-1,21	0,9859
Akkermansiaceae	-0,09	0,9385	-0,18	0,9455	0,42	0,9859
AKYG1722	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Alteromonadaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Amoebophilaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Anaerolineaceae	1,04	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Anaeroplasmataceae	-1,23	0,8782	2,70	0,6161	-1,81	0,9859
Anaplasmataceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Atopobiaceae	0,56	0,8782	-1,01	0,8587	0,75	0,9859
Bacillaceae	-1,90	0,8782	-4,51	0,2702	-2,06	0,9859
Bacteriovoracaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Bacteroidaceae	-0,56	0,8782	0,28	0,9455	-0,21	0,9859
Bacteroidales Incertae Sedis	-0,51	0,8782	1,71	0,9368	-1,83	0,9859
Bacteroidetes BD2-2	2,41	0,8782	-5,09	0,2604	-2,10	0,9859
Beggiatoaceae	-0,51	0,8782	-1,66	0,9455	-1,92	0,9859
Beijerinckiaceae	-0,89	0,8782	-4,54	0,2146	-1,40	0,9859
Bifidobacteriaceae	-0,87	0,8782	-0,43	0,9455	-0,44	0,9859
Blattella germanica (German cockroach)	-4,25	0,8782	1,19	0,9368	-4,40	0,9859
Bradymonadaceae	1,04	0,8782	-3,23	0,4847	-0,11	0,9859
Burkholderiaceae	-0,50	0,8782	-0,35	0,9455	-0,52	0,9859
Caldicoprobacteraceae	-0,77	0,8782	2,50	0,2146	0,64	0,9859
Campylobacteraceae	-0,35	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Candidate division SR1 bacterium taxon 345	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	1,09	0,9859
Candidatus Gastranaerophilales bacterium Zag_111	-0,35	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Cardiobacteriaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Carnobacteriaceae	-0,51	0,8782	-3,23	0,4847	-1,83	0,9859
Carya cathayensis	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Caulobacteraceae	0,57	0,8782	-3,11	0,6161	-1,23	0,9859
Cellulomonadaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Chara vulgaris	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
Chitinophagaceae	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
Chloroflexaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Christensenellaceae	-0,19	0,8782	1,00	0,4875	-0,14	0,9859
Chromatiaceae	-0,51	0,8782	-4,08	0,3847	-0,12	0,9859
Chroococcidiopsaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,12	0,9859
Chrysiogenaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Chthoniobacteraceae	-2,59	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Clostridiaceae 1	-0,51	0,8782	-1,66	0,9455	1,70	0,9859
Clostridiaceae 2	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Clostridiaceae 4	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Clostridiales vadinBB60 group	-0,57	0,8782	-0,78	0,8728	0,47	0,9859
Coriobacteriaceae	-1,89	0,8782	1,05	0,9455	-1,21	0,9859
Coriobacteriales Incertae Sedis	1,08	0,8782	-2,42	0,7110	-0,66	0,9859
Corynebacteriaceae	-1,13	0,8782	-2,40	0,6691	1,41	0,9859
Crocinitomicaceae	0,95	0,8782	-4,34	0,2604	-0,11	0,9859
Cryomorphaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Cyclobacteriaceae	-0,44	0,8782	-4,60	0,3558	-2,94	0,9859
Deferribacteraceae	-0,22	0,8782	2,09	0,2604	0,03	0,9869
Defluviitaleaceae	1,44	0,8782	1,26	0,6691	1,48	0,9859
Desulfobacteraceae	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-1,21	0,9859
Desulfobulbaceae	-2,55	0,8782	-3,46	0,4847	-2,33	0,9859
Desulfovibrionaceae	-1,46	0,8782	-1,59	0,4662	-0,97	0,9859
DEV007	1,04	0,8782	-1,68	0,9368	-0,11	0,9859
Devosiaceae	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859

<i>Dietziaceae</i>	2,61	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Ectothiorhodospiraceae</i>	1,03	0,8782	-3,48	0,4666	-0,11	0,9859
<i>Eggerthellaceae</i>	-0,41	0,8782	-1,05	0,5134	-0,27	0,9859
<i>Elusimicrobiaceae</i>	0,10	0,9439	4,20	0,1237	-1,18	0,9859
<i>Endomicrobiaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Enterobacteriaceae</i>	-3,63	0,8782	1,09	0,9368	-3,47	0,9859
<i>Enterococcaceae</i>	2,22	0,8782	0,96	0,9368	-1,75	0,9859
Env.OPS 17	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Erysipelotrichaceae</i>	0,26	0,8782	0,71	0,8638	-1,32	0,9859
<i>Eubacteriaceae</i>	-0,93	0,8782	0,23	0,9455	-0,21	0,9859
<i>Euglena deses</i>	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Euzebyaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Family XI-01	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Family XI-02	-0,51	0,8782	-2,04	0,5461	1,11	0,9859
Family XII	-1,89	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Family XIII	-0,88	0,8782	-1,70	0,2604	-0,83	0,9859
<i>Fistulifera solaris</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Flavobacteriaceae</i>	-1,36	0,8782	0,54	0,9455	-0,13	0,9859
<i>Fusobacteriaceae</i>	-0,40	0,8782	-2,21	0,4662	-0,14	0,9859
<i>Geminicoccaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Gemmatimonadaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Geobacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Gerbera hybrid cultivar</i>	1,04	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Gracilibacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Gut metagenome-01	-0,30	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Gut metagenome-02	1,77	0,8782	-0,20	0,9455	-1,83	0,9859
GWF2-29-10	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Haliaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Halomonadaceae</i>	-3,92	0,8782	-5,56	0,2204	-3,49	0,9859
<i>Haloplasmataceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Helicobacteraceae</i>	0,64	0,8782	1,16	0,4847	0,72	0,9859
Hydrothermal vent metagenome	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Hymenobacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	-1,21	0,9859
<i>Hyphomonadaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Iamiaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Idiomarinaceae</i>	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Ilumatobacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-4,21	0,3769	-2,88	0,9859
<i>Inquilinaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Intrasporangiaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-1,83	0,9859
<i>Isosphaeraceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	1,09	0,9859
JG30-KF-CM45	-0,33	0,8782	-0,83	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Kryptoperidinium foliaceum</i>	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	-0,11	0,9859
<i>Lachnospiraceae</i>	-1,08	0,8782	-0,81	0,7512	-0,69	0,9859
<i>Lactobacillaceae</i>	-0,84	0,8782	0,94	0,9312	2,01	0,9859
<i>Legionellaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Lentimicrobiaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Leptotrichiaceae</i>	-0,51	0,8782	-2,88	0,5736	-0,11	0,9859
<i>Marinifilaceae</i>	0,61	0,8782	-0,84	0,8638	0,90	0,9859
<i>Marinilabiliaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Metagenome-01	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
Metagenome-02	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Methanobacteriaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-2,25	0,9859
<i>Methanosarcinaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Methylophilaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Microbacteriaceae</i>	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Micrococcaceae</i>	-0,51	0,8782	-4,71	0,2604	-2,32	0,9859
<i>Microtrichaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Mitochondria</i>	1,04	0,8782	-0,20	0,9455	-0,01	0,9970
ML635J-40 aquatic group	-0,51	0,8782	-3,91	0,3847	-3,73	0,9859
<i>Moraxellaceae</i>	-1,97	0,8782	-4,54	0,2604	-1,05	0,9859

<i>Muribaculaceae</i>	-0,08	0,8782	-0,13	0,9455	0,00	0,9970
MWH-CFBK5	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	-0,11	0,9859
<i>Mycoplasmataceae</i>	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Nannocystaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-1,21	0,9859
<i>Nicotiana benthamiana</i>	-1,89	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Nitriliruptoraceae</i>	-1,41	0,8782	-3,56	0,4875	-2,27	0,9859
<i>Nitrincolaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-1,21	0,9859
<i>Nitrosomonadaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Nocardioidaceae</i>	-2,60	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Nodosilineaceae</i>	0,69	0,8782	-4,82	0,2719	-2,84	0,9859
<i>Nostocaceae</i>	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	1,74	0,9859
NS9 marine group	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Opitutaceae</i>	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	-0,11	0,9859
<i>Oscillatoriaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,64	0,9455	-1,78	0,9859
<i>Paludibacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-0,44	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Pedosphaeraceae</i>	-2,59	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Peptococcaceae</i>	-1,83	0,8782	-2,52	0,1514	-2,19	0,9859
<i>Peptostreptococcaceae</i>	-0,51	0,8782	-3,72	0,3905	-0,11	0,9859
<i>Pinus sylvestris</i> (Scots pine)	1,03	0,8782	1,74	0,9368	-1,23	0,9859
<i>Pirellulaceae</i>	-1,80	0,8782	-0,20	0,9455	-1,98	0,9859
<i>Planococcaceae</i>	2,07	0,8782	-5,37	0,2204	-0,13	0,9859
<i>Planoglbratella opercularis</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Porphyromonadaceae</i>	-1,08	0,8782	-5,35	0,2146	-1,29	0,9859
<i>Prevotellaceae</i>	-0,24	0,8782	0,39	0,9455	0,25	0,9859
<i>Prolixibacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-4,01	0,3769	-0,11	0,9859
<i>Promicromonosporaceae</i>	-0,94	0,8782	-1,00	0,9455	-1,84	0,9859
<i>Propionibacteriaceae</i>	-1,07	0,8782	-1,43	0,7512	-1,67	0,9859
<i>Pseudohongiellaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-1,21	0,9859
<i>Pseudomonadaceae</i>	-0,51	0,8782	-3,74	0,4241	-0,12	0,9859
<i>Puniceispirillales Incertae Sedis</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Rhizobiaceae</i>	-2,84	0,8782	-3,84	0,4398	-1,78	0,9859
<i>Rhodanobacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Rhodobacteraceae</i>	1,38	0,8782	-6,81	0,1237	-2,38	0,9859
<i>Rhodocyclaceae</i>	0,99	0,8782	-2,20	0,6691	-1,36	0,9859
<i>Rikenellaceae</i>	0,28	0,8782	0,83	0,6691	-0,11	0,9859
<i>Rubinisphaeraceae</i>	-1,89	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Rubritaleaceae</i>	-3,28	0,8782	0,89	0,9455	-2,45	0,9859
<i>Rubrobacteriaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Ruminococcaceae</i>	-0,73	0,8782	-0,45	0,9368	-0,25	0,9859
<i>Saccharimonadaceae</i>	1,01	0,8782	0,04	0,9536	-0,05	0,9859
<i>Sandaracinaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Sanguibacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Saprospiraceae</i>	-0,51	0,8782	-0,21	0,9455	-1,25	0,9859
SB-5	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	-0,11	0,9859
SM2D12	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Solibacteraceae</i> (Subgroup 3)	1,77	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Sphingomonadaceae</i>	-1,62	0,8782	-1,92	0,6691	-1,30	0,9859
<i>Spirochaetaceae</i>	-1,51	0,8782	-1,61	0,6161	0,01	0,9970
<i>Spirogyra pratensis</i>	-0,51	0,8782	-2,51	0,7185	-0,12	0,9859
<i>Spirosomaceae</i>	0,98	0,8782	-3,33	0,5461	-1,33	0,9859
<i>Sporolactobacillaceae</i>	-0,17	0,9338	-4,50	0,3769	-2,45	0,9859
<i>Staphylococcaceae</i>	0,38	0,8782	0,24	0,9455	-0,48	0,9859
<i>Streptococcaceae</i>	-1,25	0,8782	0,76	0,9455	-2,31	0,9859
<i>Streptomycetaceae</i>	-1,89	0,8782	-1,68	0,9368	-0,11	0,9859
<i>Synergistaceae</i>	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-1,83	0,9859
<i>Tannerellaceae</i>	-0,92	0,8782	0,70	0,8609	-0,64	0,9859
<i>Thiovulaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Trueperaceae</i>	-0,51	0,8782	-3,23	0,4847	-1,21	0,9859
Uncultured bacterium-01	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-2,26	0,9859
Uncultured bacterium-02	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859

Uncultured bacterium-03	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured bacterium-04	-0,62	0,8782	0,13	0,9455	-0,19	0,9859
Uncultured bacterium-05	1,77	0,8782	1,05	0,9455	-1,21	0,9859
Uncultured bacterium-06	1,77	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured bacterium-07	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured bacterium-08	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	-1,21	0,9859
Uncultured bacterium-09	-0,51	0,8782	-2,40	0,6691	-0,11	0,9859
Uncultured bacterium-10	-0,51	0,8782	-1,68	0,9368	-1,21	0,9859
Uncultured bacterium-11	-0,51	0,8782	-0,46	0,9455	-2,35	0,9859
Uncultured bacterium-12	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured bacterium-13	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured bacterium-14	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured bacterium-15	0,64	0,8782	0,65	0,9352	0,51	0,9859
Uncultured candidate division SR1 bacterium	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured cyanobacterium	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured <i>Erysipelotrichaceae</i> bacterium	-8,19	0,2038	8,23	0,1237	-2,11	0,9859
Uncultured eukaryote	0,97	0,8782	-3,66	0,4847	-0,30	0,9859
Uncultured <i>Lachnospiraceae</i> bacterium	1,15	0,8782	3,75	0,1237	2,00	0,9859
Uncultured <i>Microgenomates</i> group bacterium	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured phototrophic eukaryote	5,07	0,8782	-0,22	0,9455	3,47	0,9859
Uncultured prokaryote	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured rumen bacterium-01	1,27	0,8782	1,89	0,6691	-2,53	0,9859
Uncultured rumen bacterium-02	1,10	0,8782	-2,41	0,3723	-0,27	0,9859
Uncultured-01	-2,59	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Uncultured-02	-1,21	0,8782	-2,07	0,4847	1,49	0,9859
Uncultured-03	1,04	0,8782	-0,20	0,9455	1,09	0,9859
Uncultured-04	0,62	0,8782	1,30	0,5134	-0,37	0,9859
Unidentified	0,56	0,8782	0,83	0,8638	0,66	0,9859
Unknown Family-01	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
Unknown Family-02	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
VadinBE97	2,09	0,8782	0,17	0,9455	-2,99	0,9859
<i>Veillonellaceae</i>	-0,08	0,9515	-0,66	0,9455	-2,39	0,9859
<i>Verrucomicrobiaceae</i>	-0,51	0,8782	-2,40	0,7185	-1,90	0,9859
<i>Victivallaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
WD2101 soil group	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-1,83	0,9859
<i>Weeksellaceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-1,83	0,9859
<i>Woesiaceae</i>	-0,51	0,8782	-1,66	0,9455	-0,12	0,9859
<i>Xanthobacteraceae</i>	-0,51	0,8782	-0,20	0,9455	-0,11	0,9859
<i>Xanthomonadaceae</i>	-1,01	0,8782	-3,27	0,4140	-3,30	0,9859

Genus	G3 vs G1 16w - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 16w - FDR p-value	G3 vs G1 18w - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 18w - FDR p-value	G3 vs G1 EP - Log ₂ presence ratio	G3 vs G1 EP - FDR p-value
[Clostridium] innocuum group	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,35	0,9316
[Desulfobacterium] catecholicum group	-2,30	0,9619	-3,35	0,6756	-1,76	0,9316
[Eubacterium] brachy group	-0,71	0,9619	-1,52	0,5097	-0,94	0,9316
[Eubacterium] coprostanoligenes group	0,22	0,9619	0,59	0,9743	-0,29	0,9316
[Eubacterium] eligens group	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
[Eubacterium] fissicatena group	-0,26	0,9619	0,12	0,9743	0,34	0,9316
[Eubacterium] hallii group	1,29	0,9619	-1,37	0,9743	0,93	0,9316
[Eubacterium] nodatum group	0,95	0,9619	0,05	0,9743	2,35	0,9316
[Eubacterium] oxidoreducens group	-0,90	0,9619	-0,28	0,9743	-0,93	0,9316
[Eubacterium] ruminantium group	-0,03	0,9854	-0,47	0,9743	0,36	0,9316
[Eubacterium] ventriosum group	-4,38	0,4263	1,06	0,9743	-7,37	0,0015
[Eubacterium] xylanophilum group	-0,72	0,9619	-1,35	0,6486	-1,43	0,9316
[Ruminococcus] gnavus group	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
[Ruminococcus] torques group	-1,82	0,9619	0,80	0,9743	0,68	0,9316
28-4	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	3,68	0,9316
966-1	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
A2	0,97	0,9619	-1,02	0,9743	-0,40	0,9316
Acetatifactor	-0,74	0,9619	-2,14	0,3787	-0,48	0,9316
Acetitomaculum	-1,25	0,9619	-1,82	0,7164	-1,54	0,9316
Acetoanaerobium	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Acidaminobacter	-1,65	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Acidovorax	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Acinetobacter	-1,73	0,9619	-4,56	0,3836	-0,64	0,9316
Actinomyces	-0,16	0,9619	0,42	0,9743	0,09	0,9687
Aerococcus	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,35	0,9316
Aeromonas	-0,26	0,9619	1,38	0,9743	-0,75	0,9316
Agathobacter	2,00	0,9619	3,57	0,6796	1,53	0,9316
Akkermansia	-0,10	0,9619	0,21	0,9743	1,12	0,9316
Albidovulum	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
Aliidiomarina	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Alistipes	0,43	0,9619	1,06	0,5906	0,37	0,9316
Alkalibacterium	-0,26	0,9619	-2,90	0,7164	-1,37	0,9316
Alkalicoccus	-1,60	0,9619	-3,06	0,7478	-1,75	0,9316
Alkaliflexus	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Alkaliphilus	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,36	0,9316
Allobacillus	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Allobaculum	2,53	0,9619	-0,35	0,9743	-5,64	0,0314
Alloprevotella	0,25	0,9619	0,34	0,9743	0,90	0,9316
Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Alloscardovia	-1,97	0,9619	-1,39	0,9514	-2,81	0,9316
Alpha proteobacterium GMD21G01	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Alphal cluster	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Altererythrobacter	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Anaerobacillus	-1,64	0,9619	-4,47	0,3945	0,35	0,9316
Anaerococcus	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	1,56	0,9316
Anaerocolumna	-3,28	0,9619	-0,63	0,9743	-3,03	0,9316
Anaerofustis	-0,79	0,9619	-2,17	0,9514	-0,74	0,9316
Anaeroglobus	1,28	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Anaeroplasma	-0,87	0,9619	3,09	0,5906	-1,42	0,9316
Anaerosolibacter	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Anaerosporobacter	-0,07	0,9768	-1,24	0,9743	-0,75	0,9316
Anaerostipes	0,80	0,9619	1,17	0,9743	0,28	0,9316
Anaerotruncus	-1,10	0,9619	-1,13	0,9506	0,07	0,9572
Anaerovorax	-0,26	0,9619	-1,27	0,5906	0,31	0,9316
Anditalea	-0,26	0,9619	-3,57	0,5655	-1,36	0,9316
Anoxynatronum	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,36	0,9316
Arcanobacterium	-0,26	0,9619	3,10	0,7439	1,55	0,9316
Arenimonas	-0,26	0,9619	-1,40	0,9743	-1,76	0,9316
Arsenicitalea	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Asaccharobacter	-1,70	0,9619	0,36	0,9743	-0,23	0,9316
ASF356	-0,05	0,9854	-2,45	0,7544	2,00	0,9316
Atopobium	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,35	0,9316
Avena sativa (oat)	1,28	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Azoarcus	1,22	0,9619	-2,18	0,8792	-0,95	0,9316
Azospirillum sp.47_25	0,31	0,9619	-2,34	0,5825	-0,33	0,9316
Bacillus	-0,26	0,9619	-1,33	0,9743	-1,44	0,9316
Bacteroidales bacterium 55_9	2,25	0,9619	0,14	0,9743	-2,87	0,9316
Bacteroides	-0,37	0,9619	0,32	0,9743	0,19	0,9316
Bifidobacterium	-0,99	0,9619	-0,48	0,9743	-0,43	0,9316

<i>Bilophila</i>	-1,15	0,9619	-1,70	0,7164	0,44	0,9316
<i>Blastopirellula</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	-1,36	0,9316
<i>Blattella germanica</i> (German cockroach)	-4,00	0,9619	1,23	0,9743	-4,68	0,9316
<i>Blautia</i>	-0,80	0,9619	-0,54	0,9743	-1,52	0,9316
<i>Bradyrhizobium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Brevundimonas</i>	0,70	0,9619	-3,06	0,7544	-0,84	0,9316
<i>Butyricoccus</i>	-1,33	0,9619	-0,35	0,9743	-0,08	0,9517
<i>Butyricimonas</i>	-0,87	0,9619	1,08	0,6114	0,21	0,9316
<i>Butyrivibrio</i>	0,27	0,9619	1,24	0,9743	1,22	0,9316
<i>Butyrivibrio</i> 2	-0,26	0,9619	2,04	0,9743	0,36	0,9316
CAG-352	7,04	0,0078	3,63	0,3945	6,04	0,0309
<i>Caldicoprobacter</i>	-0,57	0,9619	2,57	0,3662	0,81	0,9316
<i>Calothrix</i> PCC-6303	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	2,20	0,9316
<i>Campylobacter</i>	-0,11	0,9678	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Candidate division SR1 bacterium taxon 345	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	1,56	0,9316
<i>Candidatus Alysiosphaera</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Candidatus Amoebophilus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Candidatus Chlorothrix</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Candidatus Endomicrobium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Candidatus Gastranaerophilales</i> bacterium Zag_111	-0,11	0,9678	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Candidatus Saccharimonas</i>	1,05	0,9619	0,13	0,9743	-0,02	0,9861
<i>Candidatus Soleaferrea</i>	0,79	0,9619	-1,11	0,9743	0,66	0,9316
<i>Candidatus Udaeobacter</i>	-2,34	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Capnocytophaga</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,48	0,9316
<i>Cardiobacterium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Carya cathayensis</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Catabacter</i>	0,73	0,9619	1,33	0,9743	0,35	0,9316
<i>Catenibacterium</i>	-0,26	0,9619	1,44	0,9743	0,35	0,9316
<i>Caulobacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Cellulomonas</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,36	0,9316
<i>Cellulosimicrobium</i>	-0,88	0,9619	-1,12	0,9743	-1,21	0,9316
<i>Cesiribacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Chara vulgaris</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Chiayiivirga</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Christensenellaceae</i> R-7 group	-0,25	0,9619	1,22	0,7878	-0,04	0,9746
<i>Chrysiogenes</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Cloacibacterium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Clostridium sensu stricto</i> 1	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	2,18	0,9316
<i>Collinsella</i>	-1,65	0,9619	1,38	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Constrictibacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Coprococcus</i> 2	-2,55	0,8287	-3,25	0,2784	-2,66	0,8720
<i>Coprococcus</i> 3	-0,87	0,9619	-0,29	0,9743	-0,32	0,9316
<i>Coriobacteriaceae</i> UCG-002	0,67	0,9619	-1,38	0,9121	1,44	0,9316
<i>Corynebacterium</i>	0,62	0,9619	-2,07	0,9514	2,20	0,9316
<i>Corynebacterium</i> 1	-1,65	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Cryomorpha</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Cutibacterium</i>	-0,71	0,9619	-1,32	0,9514	-1,31	0,9316
<i>Defluviitaleaceae</i> UCG-011	1,58	0,9619	1,64	0,6796	1,44	0,9316
<i>Delftia</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Desulfatitalea</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Desulfovibrio</i>	-0,72	0,9619	-0,97	0,9514	0,16	0,9316
<i>Devosia</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Dialister</i>	-0,26	0,9619	-3,22	0,3945	-0,72	0,9316
<i>Dietzia</i>	2,85	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Diplosphaera</i>	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
DNF00809	-0,75	0,9619	-1,80	0,4575	-0,66	0,9316
<i>Dorea</i>	4,01	0,6721	-3,39	0,4291	0,09	0,9687
<i>Dubosiella</i>	-0,39	0,9619	0,60	0,9743	-2,75	0,6586
<i>Egicoccus</i>	-0,16	0,9628	-3,63	0,5906	-2,05	0,9316
<i>Eisenbergiella</i>	0,93	0,9619	0,33	0,9743	-0,82	0,9316
<i>Elusimicrobium</i>	0,35	0,9619	4,32	0,2784	-1,02	0,9316
<i>Enhygromyxa</i> sp. SIS-1	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Ensifer</i>	-2,34	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Enterococcus</i>	2,22	0,9619	1,23	0,9514	-1,41	0,9316
<i>Enterorhabdus</i>	-0,07	0,9619	-0,47	0,9743	0,66	0,9316
<i>Erysipelatoclostridium</i>	-0,26	0,9624	0,46	0,9743	1,58	0,9316
<i>Erysipelothrix</i>	-0,26	0,9619	-2,54	0,8358	0,36	0,9316
<i>Erythrobacter</i>	-1,65	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
<i>Escherichia-Shigella</i>	-3,83	0,6721	1,67	0,9514	-3,07	0,9316
<i>Eubacterium</i>	-0,26	0,9619	3,12	0,8448	1,56	0,9316

<i>Euglena deses</i>	-0,26	0,9619	-2,09	0,9514	0,36	0,9316
<i>Euzebya</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
F0058	-0,26	0,9619	-0,11	0,9743	0,36	0,9316
<i>Facklamia</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Faecalibacterium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Faecalibaculum</i>	-0,67	0,9619	1,19	0,9514	-1,03	0,9316
Family XIII AD3011 group	-0,44	0,9619	-0,44	0,9743	-0,12	0,9316
Family XIII UCG-001	-1,05	0,9619	-1,77	0,4858	-0,03	0,9786
<i>Filifactor</i>	-0,26	0,9619	-2,90	0,7065	0,36	0,9316
<i>Fistulifera solaris</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Flavitalea</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Flavobacterium</i>	-0,26	0,9619	-1,28	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Flexilinea</i>	1,28	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Fluviicola</i>	1,15	0,9619	-4,28	0,3945	0,35	0,9316
<i>Fluviimonas</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Fournierella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Fretibacterium</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	-0,75	0,9316
<i>Fusibacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Fusobacterium</i>	-0,35	0,9619	-2,49	0,3945	0,36	0,9316
GCA-900066225	0,82	0,9619	-0,55	0,9743	0,49	0,9316
GCA-900066575	-0,63	0,9619	0,35	0,9743	0,07	0,9446
<i>Gemella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Gemmatimonas</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Gemmobacter</i>	-0,26	0,9619	-2,54	0,8358	0,36	0,9316
<i>Geobacter</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Gerbera</i> hybrid cultivar	1,28	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Gillisia</i>	1,20	0,9619	-4,51	0,4291	-0,65	0,9316
Gut metagenome-01	-0,06	0,9678	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Gut metagenome-02	-0,90	0,9619	-0,04	0,9814	-1,59	0,9316
Gut metagenome-03	0,71	0,9619	2,01	0,3945	0,64	0,9316
Gut metagenome-04	2,01	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Haliea</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Halomonas</i>	-3,82	0,9619	-5,96	0,2784	-2,66	0,9316
<i>Haloplasma</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Harryflintia</i>	-0,42	0,9619	-0,94	0,9514	0,22	0,9316
<i>Helicobacter</i>	0,58	0,9619	1,60	0,4575	1,45	0,9316
<i>Hoeflea</i>	-0,26	0,9619	-2,12	0,9743	0,35	0,9316
<i>Howardella</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,36	0,9316
<i>Hungatella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Hydrogenoanaerobacterium</i>	-0,26	0,9619	-2,54	0,8358	0,45	0,9316
<i>Hydrogenophaga</i>	1,28	0,9619	-1,30	0,9743	-1,34	0,9316
<i>hydrothermal</i> vent metagenome	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Hyphomonas</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Hypnocyclicus</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Iamia</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Ileibacterium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	1,56	0,9316
<i>Ilumatobacter</i>	-0,26	0,9619	-4,07	0,4717	-2,10	0,9316
IMCC26134	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
IMCC26207	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Incertae Sedis</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Inquilinus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Intestinimonas</i>	-0,30	0,9619	-0,37	0,9743	-0,39	0,9316
<i>Jeotgalicoccus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Johnsonella</i>	2,01	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
JTB255 marine benthic group	-0,26	0,9619	-1,38	0,9743	0,35	0,9316
<i>Kryptoperidinium foliaceum</i>	-0,26	0,9619	-1,37	0,9743	0,36	0,9316
<i>Lachnoclostridium</i>	-2,20	0,6149	-0,11	0,9743	-0,19	0,9316
<i>Lachnoclostridium</i> 10	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Lachnoclostridium</i> 12	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Lachnoclostridium</i> 5	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Lachnospiraceae</i> AC2044 group	-1,65	0,9619	-0,16	0,9743	2,20	0,9316
<i>Lachnospiraceae</i> FCS020 group	0,14	0,9619	-0,02	0,9806	0,33	0,9316
<i>Lachnospiraceae</i> NC2004 group	1,31	0,9619	-1,53	0,9040	-2,10	0,9316
<i>Lachnospiraceae</i> NK4A136 group	-0,97	0,9619	-1,07	0,5825	-0,19	0,9316
<i>Lachnospiraceae</i> NK4B4 group	2,28	0,9619	-3,83	0,3662	-4,06	0,6586
<i>Lachnospiraceae</i> UCG-001	-2,20	0,9512	-0,81	0,9743	-1,16	0,9316
<i>Lachnospiraceae</i> UCG-002	0,32	0,9619	-2,42	0,3662	-2,83	0,3801
<i>Lachnospiraceae</i> UCG-004	-4,15	0,9512	1,44	0,9743	-8,10	0,0059
<i>Lachnospiraceae</i> UCG-006	-1,75	0,6721	0,46	0,9743	-0,33	0,9316
<i>Lachnospiraceae</i> UCG-008	-0,64	0,9619	-0,25	0,9743	0,69	0,9316

<i>Lachnospiraceae</i> UCG-009	-1,67	0,9619	-0,05	0,9806	-0,06	0,9746
<i>Lachnospiraceae</i> UCG-010	0,80	0,9619	-2,69	0,4575	0,45	0,9316
<i>Lachnotalea</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Lactobacillus</i>	-0,94	0,9619	1,16	0,9514	1,92	0,9316
<i>Lawsonella</i>	-2,34	0,9619	0,14	0,9743	1,09	0,9316
<i>Legionella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Lentimicrobium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Leptothrix</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Leptotrichia</i>	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
<i>Leucobacter</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Lewinella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Loktanella</i>	-0,26	0,9619	-3,85	0,5228	0,35	0,9316
<i>Luteimonas</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,35	0,9316
<i>Luteococcus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Luteolibacter</i>	-3,19	0,9619	1,28	0,9743	-1,72	0,9316
<i>Lutispora</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Marmoricola</i>	-2,34	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Marvinbryantia</i>	-0,18	0,9619	-1,25	0,9514	0,22	0,9316
<i>Massilia</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Megasphaera</i>	0,18	0,9619	0,15	0,9743	-1,11	0,9316
<i>Mesorhizobium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Metagenome-01	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Metagenome-02	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Metagenome-03	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Metagenome-04	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Metagenome-05	1,28	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
<i>Methanosarcina</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Methanosphaera</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	-1,82	0,9316
<i>Methylobacterium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Methylocystis</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Methylophilus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Mitsuaria</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Mobilitalea</i>	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
<i>Mogibacterium</i>	-2,34	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Mongoliibacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Mongoliitalea</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Morganella</i>	-2,39	0,9619	1,40	0,9743	-0,97	0,9316
<i>Moryella</i>	0,07	0,9678	0,97	0,9743	2,63	0,9316
Mouse gut metagenome	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Mucispirillum</i>	0,58	0,9619	2,03	0,3945	0,29	0,9316
<i>Murdochiella</i>	-0,26	0,9619	0,55	0,9743	0,45	0,9316
<i>Muribaculum</i>	-1,29	0,9619	0,28	0,9743	-0,10	0,9316
<i>Mycoplasma</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Natronohydrobacter</i>	-0,02	0,9938	-5,99	0,2784	-0,60	0,9316
<i>Negativibacillus</i>	-1,27	0,9619	1,38	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Nesterenkonia</i>	-0,26	0,9619	-4,96	0,3787	-0,74	0,9316
<i>Nicotiana benthamiana</i>	-1,65	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Nitriliruptor</i>	-2,34	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Nitrincola</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Nitrobacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Nitrosomonas</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Nocardioides</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Nodosilinea</i> PCC-7104	0,94	0,9619	-4,92	0,3945	-2,20	0,9316
<i>Nodularia</i> PCC-9350	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Oceanobacillus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Ochrobactrum</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Odoribacter</i>	1,50	0,9619	-2,82	0,4631	2,19	0,9316
<i>Olsenella</i>	-0,07	0,9678	-0,82	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Oryzihumus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Oscillatoria</i> PCC-6304	-0,26	0,9619	-0,35	0,9743	-1,31	0,9316
<i>Oscillibacter</i>	-0,95	0,9619	-0,22	0,9743	-0,37	0,9316
<i>Oscillospira</i>	0,06	0,9678	-1,02	0,9514	-0,21	0,9316
<i>Oxalobacter</i>	-0,37	0,9619	0,66	0,9514	0,02	0,9780
<i>Paludibacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Paludibaculum</i>	2,01	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Papillibacter</i>	1,04	0,9619	2,74	0,6796	2,84	0,9316
<i>Parabacteroides</i>	-0,61	0,9619	0,76	0,9514	-0,26	0,9316
<i>Paracoccus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Paradevosia</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Parasutterella</i>	-0,04	0,9805	-2,85	0,3945	-0,27	0,9316

<i>Parvibacter</i>	0,58	0,9619	-2,29	0,3945	-0,93	0,9316
<i>Parvimonas</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	1,56	0,9316
<i>Pelomonas</i>	-0,26	0,9619	-2,90	0,7065	0,36	0,9316
<i>Peptococcus</i>	-0,13	0,9619	-1,89	0,3012	-0,81	0,9316
<i>Peptoniphilus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Peptostreptococcus</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,35	0,9316
<i>Peredibacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Phaeobacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Phascolarctobacterium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Phocaeicola</i>	-0,26	0,9619	2,04	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Phyllobacterium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Pinus sylvestris</i> (Scots pine)	1,25	0,9619	2,07	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Pirellula</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Planktosalinus</i>	1,25	0,9619	-0,11	0,9743	-1,36	0,9316
<i>Planococcus</i>	-0,26	0,9619	-4,49	0,3945	0,35	0,9316
<i>Planoglabratella opercularis</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,36	0,9316
<i>Planomicrobium</i>	-0,26	0,9619	-4,94	0,3593	0,35	0,9316
<i>Plesiomonas</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Polaromonas</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,35	0,9316
<i>Pontibacter</i>	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Porphyrobacter</i>	-1,64	0,9619	-3,60	0,5825	-0,75	0,9316
<i>Porphyromonas</i>	-0,81	0,9619	-5,62	0,2784	-0,68	0,9316
Possible genus Sk018	1,28	0,9619	0,14	0,9743	2,64	0,9316
<i>Prevotella</i>	1,30	0,9619	-1,42	0,9514	2,63	0,9316
<i>Prevotella 2</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Prevotella 7</i>	-0,26	0,9619	-1,36	0,9743	-0,17	0,9417
<i>Prevotellaceae</i> UCG-001	-0,45	0,9619	0,92	0,9506	0,24	0,9316
<i>Prevotellaceae</i> UCG-003	-0,47	0,9619	1,02	0,9514	0,45	0,9316
<i>Prostheco bacter</i>	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
<i>Proteiniclasticum</i>	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
<i>Proteus</i>	-2,63	0,9619	0,31	0,9743	0,35	0,9316
<i>Pseudohongiella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Pseudolabrys</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Pseudomonas</i>	-0,26	0,9619	-3,56	0,5655	0,35	0,9316
<i>Pseudoxanthomonas</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Pygma iobacter</i>	-0,62	0,9619	0,26	0,9743	1,55	0,9316
<i>Pyramidobacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Rheinheimera</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Rhodobaca</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Rhodobaculum</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Rhodonellum</i>	1,28	0,9619	-1,35	0,9743	-0,75	0,9316
<i>Rhodopirellula</i>	-1,59	0,9619	0,13	0,9743	0,35	0,9316
<i>Rikenella</i>	1,47	0,9619	-3,21	0,2784	0,09	0,9573
<i>Rikenellaceae</i> RC9 gut group	0,33	0,9619	0,12	0,9743	0,52	0,9316
<i>Robinsoniella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Roseburia</i>	-0,72	0,9619	-0,40	0,9743	-0,62	0,9316
<i>Roseiarcus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Roseicyclus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Roseococcus</i>	1,28	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Rothia</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Rubribacterium</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Rubrobacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Ruminiclostridium</i>	-0,47	0,9619	-0,63	0,9743	0,01	0,9889
<i>Ruminiclostridium 1</i>	-0,34	0,9619	1,29	0,9121	0,72	0,9316
<i>Ruminiclostridium 5</i>	-0,90	0,9619	-0,82	0,9514	0,24	0,9316
<i>Ruminiclostridium 6</i>	-0,35	0,9619	-0,92	0,8358	0,18	0,9316
<i>Ruminiclostridium 9</i>	-0,70	0,9619	-0,71	0,9514	0,52	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> NK4A214 group	-1,12	0,9619	-0,91	0,8358	-0,72	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-002	-0,26	0,9619	-0,46	0,9743	1,53	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-003	-1,72	0,6721	-0,27	0,9743	-0,32	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-004	-3,64	0,6149	-2,35	0,5004	-1,28	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-005	-0,07	0,9619	0,31	0,9743	-0,77	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-007	-1,65	0,9619	1,38	0,9743	1,56	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-009	-0,31	0,9619	-1,10	0,6756	-0,99	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-010	-0,22	0,9619	1,66	0,4259	0,77	0,9316
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-013	0,28	0,9619	0,62	0,9743	0,10	0,9417
<i>Ruminococcaceae</i> UCG-014	0,30	0,9619	0,41	0,9743	0,37	0,9316
<i>Ruminococcus 1</i>	-0,51	0,9619	0,38	0,9743	-0,24	0,9316
<i>Ruminococcus 2</i>	-8,97	0,0000	-4,75	0,2784	-0,14	0,9517
S5-A14a	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316

<i>Shuttleworthia</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Solibacillus</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Sphingomonas</i>	-0,12	0,9678	0,31	0,9743	0,36	0,9316
<i>Sphingopyxis</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Sphingosinicella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Spirochaeta</i> 2	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Spirogyra pratensis</i>	-0,26	0,9619	-2,19	0,9533	0,35	0,9316
<i>Spirogyra</i> sp. CLP-2000	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Sporosarcina</i>	2,47	0,9619	0,12	0,9743	0,35	0,9316
<i>Staphylococcus</i>	0,60	0,9619	0,45	0,9743	0,09	0,9662
<i>Streptococcus</i>	-1,17	0,9619	0,86	0,9743	-1,95	0,9316
<i>Streptomyces</i>	-1,62	0,9619	-1,38	0,9743	0,35	0,9316
<i>Subdoligranulum</i>	-3,57	0,9619	-1,66	0,9514	-4,14	0,9316
<i>Subsaxibacter</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Sulfurimonas</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Sutterella</i>	-1,63	0,9619	2,30	0,9743	-0,42	0,9316
<i>Tabrizicola</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Tannerella</i>	-0,26	0,9619	-4,00	0,4575	-2,61	0,9316
<i>Thalassobius</i>	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
<i>Thioalkalivibrio</i>	1,28	0,9619	-3,25	0,6756	0,35	0,9316
<i>Thiocapsa</i>	-0,26	0,9619	-4,19	0,4575	0,35	0,9316
<i>Thioflexothrix</i>	-0,26	0,9619	-1,38	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Tissierella</i>	-0,26	0,9619	-1,38	0,9743	0,35	0,9316
<i>Treponema</i> 2	-1,27	0,9619	-1,30	0,9514	0,48	0,9316
<i>Tropicomonas</i>	-0,26	0,9619	-2,92	0,7439	0,36	0,9316
<i>Truepera</i>	-0,26	0,9619	-2,92	0,7439	-0,75	0,9316
<i>Turicibacter</i>	-0,39	0,9619	-3,59	0,2784	-1,67	0,9316
<i>Tyzzereella</i>	-1,00	0,9619	-1,36	0,8358	-0,31	0,9316
<i>Tyzzereella</i> 3	2,75	0,9619	0,71	0,9743	0,42	0,9316
<i>Tyzzereella</i> 4	-1,65	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
UBA1819	-1,43	0,9619	0,46	0,9743	-0,36	0,9316
UC5-1-2E3	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured <i>Acidobacteriaceae</i> bacterium	-2,34	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured <i>Actinomycetaceae</i> bacterium	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured <i>Aquiflexum</i> sp.	-1,65	0,9619	-2,11	0,9514	0,35	0,9316
Uncultured bacterium-01	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-02	-1,06	0,9619	-1,77	0,7439	1,98	0,9316
Uncultured bacterium-03	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-04	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,80	0,9316
Uncultured bacterium-05	2,73	0,9619	-5,45	0,3548	-1,47	0,9316
Uncultured bacterium-06	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,80	0,9316
Uncultured bacterium-07	0,04	0,9619	0,15	0,9743	0,43	0,9316
Uncultured bacterium-08	-0,26	0,9619	-3,53	0,5228	0,35	0,9316
Uncultured bacterium-09	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-10	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-11	1,22	0,9619	-3,37	0,6796	-0,74	0,9316
Uncultured bacterium-12	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-13	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-14	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-15	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-16	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-17	-0,11	0,9678	-0,69	0,9743	0,35	0,9316
Uncultured bacterium-18	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-19	-0,34	0,9619	0,44	0,9743	0,24	0,9316
Uncultured bacterium-20	2,01	0,9619	1,38	0,9743	-0,75	0,9316
Uncultured bacterium-21	0,05	0,9678	-0,18	0,9743	1,15	0,9316
Uncultured bacterium-22	0,82	0,9619	-2,40	0,4858	0,56	0,9316
Uncultured bacterium-23	2,01	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-24	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-25	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-26	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	-0,75	0,9316

Uncultured bacterium-27	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-28	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	-0,75	0,9316
Uncultured bacterium-29	-0,26	0,9619	-0,13	0,9743	-1,80	0,9316
Uncultured bacterium-30	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-31	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-32	1,28	0,9619	0,14	0,9743	1,56	0,9316
Uncultured bacterium-33	0,56	0,9619	1,41	0,9506	-0,68	0,9316
Uncultured bacterium-34	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-35	1,28	0,9619	-2,92	0,7164	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-36	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-37	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured bacterium-38	0,76	0,9619	0,77	0,9743	0,74	0,9316
Uncultured bacterium-39	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured <i>Bacteroidales</i> bacterium	-0,41	0,9619	0,44	0,9743	-0,07	0,9497
Uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	-0,26	0,9619	-3,64	0,4858	-2,40	0,9316
Uncultured candidate division SR1 bacterium	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured <i>Chloroflexi</i> bacterium	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured <i>Clostridiales</i> bacterium	-1,54	0,9619	-0,48	0,9743	-0,33	0,9316
Uncultured cyanobacterium	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured <i>Erysipelotrichaceae</i> bacterium	-8,02	0,1525	8,47	0,1811	-1,35	0,9316
Uncultured eukaryote	1,21	0,9619	-3,47	0,6796	0,10	0,9671
Uncultured gamma proteobacterium	-0,26	0,9619	-2,54	0,8439	0,36	0,9316
Uncultured <i>Lachnospiraceae</i> bacterium	1,45	0,9619	3,78	0,2784	2,07	0,9316
Uncultured <i>Microgenomates</i> group bacterium	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured organism	0,75	0,9619	-3,76	0,2784	-0,16	0,9387
Uncultured phototrophic eukaryote	5,02	0,9619	0,11	0,9755	4,17	0,9316
Uncultured prokaryote	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured rumen bacterium-01	1,57	0,9619	2,21	0,7164	-2,79	0,9316
Uncultured rumen bacterium-02	-0,26	0,9619	1,38	0,9743	1,56	0,9316
Uncultured rumen bacterium-03	-0,31	0,9619	-0,76	0,9743	-0,14	0,9316
Uncultured rumen bacterium-04	1,32	0,9619	-2,38	0,4858	0,35	0,9316
Uncultured soil bacterium	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
Uncultured <i>Sphingobacteriia</i> bacterium	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured <i>Verrucomicrobia</i> bacterium	-2,34	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-01	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-02	1,28	0,9619	-2,06	0,9514	-0,17	0,9417
Uncultured-03	-0,39	0,9619	0,34	0,9743	1,56	0,9316
Uncultured-04	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-05	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Uncultured-06	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-07	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Uncultured-08	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	-0,53	0,9316
Uncultured-09	-0,26	0,9619	-3,04	0,7439	-0,75	0,9316
Uncultured-10	-1,12	0,9619	1,00	0,9514	0,35	0,9316
Uncultured-11	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,35	0,9316
Uncultured-12	0,45	0,9619	0,68	0,9743	0,48	0,9316
Uncultured-13	0,51	0,9619	1,59	0,2784	1,08	0,9316
Uncultured-14	-1,05	0,9619	-1,70	0,3945	-1,21	0,9316
Uncultured-15	-1,18	0,9619	-0,94	0,8448	0,51	0,9316
Uncultured-16	0,84	0,9619	0,69	0,9743	0,24	0,9316
Uncultured-17	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-18	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	1,56	0,9316
Uncultured-19	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-20	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-21	-0,26	0,9619	-2,54	0,8358	0,36	0,9316
Uncultured-22	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-23	1,02	0,9619	-3,99	0,5186	-1,74	0,9316
Uncultured-24	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Uncultured-25	-0,26	0,9619	-2,07	0,9514	0,36	0,9316
Uncultured-26	-0,80	0,9619	-1,02	0,7544	-0,15	0,9316
Uncultured-27	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-0,75	0,9316
Uncultured-28	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-29	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
Uncultured-30	-0,72	0,9619	-3,52	0,4245	-1,83	0,9316
Uncultured-31	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316

Uncultured-32	-0,26	0,9619	-1,35	0,9743	-1,37	0,9316
Unidentified	0,69	0,9619	0,85	0,9743	0,86	0,9316
<i>Veillonella</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	-1,37	0,9316
<i>Victivallis</i>	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,36	0,9316
<i>Vitis vinifera</i> (wine grape)	-0,26	0,9619	0,14	0,9743	0,45	0,9316
W5053	-0,26	0,9619	-2,92	0,7164	0,36	0,9316
<i>Wolbachia</i>	-0,26	0,9619	0,13	0,9743	0,36	0,9316