

Supplementary table 01: Abundant OTUs in the Benzonase digest approach (BDA) upon dilution (OTUs used to constitute the mock community in bold letters)

	BDA_10 ⁸	BDA_10 ⁷	BDA_10 ⁵	BDA_10 ³	Control
<i>E. coli</i>	18.94	18.82	25.03	13.17	0.01
<i>S. aureus</i>	23.09	23.57	17.11	17.35	14.53
<i>P. mirabilis</i>	17.78	16.34	16.38	9.74	0.30
<i>P. aeruginosa</i>	17.03	16.27	15.91	8.79	0.13
<i>S. epidermidis</i>	4.44	7.29	6.19	10.13	16.73
<i>B. horneckiae</i>	6.42	5.16	4.16	0.55	0.00
<i>C. striatum</i>	3.78	5.40	2.57	2.45	2.33
<i>M. luteus</i>	6.19	4.82	2.14	0.88	0.42
<i>C. pseudodiphtheriticum</i>	1.44	1.53	0.73	0.29	0.00
<i>S. hominis</i>	0.88	0.74	0.14	0.11	0.09
<i>C. acnes</i>	0.00	0.00	0.15	2.34	6.89
<i>A. nanhaiticus</i>	0.00	0.00	0.02	1.56	5.12
<i>P. panacisoli</i>	0.00	0.00	0.02	0.19	1.07
<i>M. mitochondrii</i>	0.00	0.00	7.70	8.09	8.05
<i>U. oligocarboniphilum</i>	0.00	0.00	0.03	1.53	5.59
<i>C. bouchesdurhonense</i>	0.00	0.00	0.11	2.07	2.42
<i>C. coyleae</i>	0.00	0.00	0.04	1.66	1.75
<i>S. aerolata</i>	0.00	0.00	0.26	0.79	0.63
<i>Staphylococcus sp</i>	0.02	0.04	0.05	0.20	0.69
<i>K. tytonicola</i>	0.00	0.00	0.06	0.82	2.60
<i>A. muciniphila</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68
<i>G. thermoleovorans</i>	0.00	0.00	0.00	0.71	0.00
<i>S. mitis</i>	0.00	0.00	0.02	1.32	1.67
<i>S. dysgalactiae</i>	0.00	0.00	0.07	1.03	1.01
<i>A. proteolyticus</i>	0.00	0.00	0.01	0.46	0.55
<i>L. taiwanensis</i>	0.00	0.00	0.01	0.41	1.01
<i>S. thermophilus</i>	0.00	0.00	0.02	0.17	0.58
<i>L. reuteri</i>	0.00	0.00	0.02	0.20	1.17
<i>Muribaculaceae PAC00679</i>	0.00	0.00	0.00	0.53	0.00
<i>C. gracilis</i>	0.00	0.00	0.00	0.11	0.90
<i>Chroococcidiopsis sp</i>	0.00	0.00	0.01	0.31	3.00
<i>S. anginosus</i>	0.00	0.00	0.00	0.11	1.65
<i>G. leopoldii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.51
<i>C. haliotis</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	2.02
<i>Saccharimonas sp</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.62
<i>D. muris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.61
<i>Atopostipes sp</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	1.20
<i>B. intermedia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.55
<i>Hymenobacter sp</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.56
<i>M. curtisii</i>	0.00	0.00	0.00	0.05	0.51

Supplementary table 02: Abundant OTUs in the Non-Benzonase digest approach (NDA) upon dilution (OTUs used to constitute the mock community in bold letters)

	NDA_108	NDA_107	NDA_105	NDA_103	Control
<i>E. coli</i>	17.19	9.41	6.99	6.20	0.11
<i>S. aureus</i>	18.40	18.32	19.06	19.42	12.72
<i>P. mirabilis</i>	17.10	23.40	21.57	7.45	8.13
<i>P. aeruginosa</i>	15.98	16.64	16.07	5.52	0.28
<i>S. epidermidis</i>	3.64	5.12	7.75	11.16	26.22
<i>B. horneckiae</i>	16.50	16.54	11.47	5.00	0.02
<i>C. striatum</i>	2.37	3.08	2.22	2.94	2.11
<i>M. luteus</i>	5.97	5.08	1.94	1.91	0.54
<i>C. pseudodiphtheriticum</i>	0.95	0.59	0.48	0.00	0.00
<i>S. hominis</i>	1.88	1.78	0.45	0.19	0.15
<i>C. acnes</i>	0.00	0.00	0.12	1.52	2.07
<i>A. nanhaiticus</i>	0.00	0.00	0.05	1.42	0.91
<i>P. panacisoli</i>	0.00	0.00	0.02	0.59	0.54
<i>M. mitochondrii</i>	0.00	0.00	0.24	7.61	9.20
<i>U. oligocarboniphilum</i>	0.00	0.00	0.04	3.64	5.08
<i>C. bouchesdurhonense</i>	0.00	0.00	5.16	3.43	2.96
<i>C. coyleae</i>	0.00	0.00	0.31	2.04	0.74
<i>S. aerolata</i>	0.00	0.00	0.01	0.54	0.19
<i>Staphylococcus sp</i>	0.01	0.02	0.10	0.45	0.97
<i>K. tytonicola</i>	0.00	0.00	0.01	0.45	1.73
<i>A. muciniphila</i>	0.00	0.00	0.00	0.39	0.33
<i>S. mitis</i>	0.00	0.00	0.01	0.67	0.48
<i>S. dysgalactiae</i>	0.00	0.01	0.08	1.59	2.20
<i>L. taiwanensis</i>	0.00	0.00	0.01	1.97	1.37
<i>C. appendicis</i>	0.00	0.00	0.69	0.15	0.47
<i>S. thermophilus</i>	0.00	0.00	0.01	0.97	0.12
<i>C. thomssenii</i>	0.00	0.00	0.68	0.18	0.33
<i>L. reuteri</i>	0.00	0.00	0.01	0.85	1.06
<i>M. durans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.52
<i>M.atlantae</i>	0.00	0.00	1.07	0.40	0.19
<i>C. gracilis</i>	0.00	0.00	0.00	0.08	0.87
<i>Chroococcidiopsis sp</i>	0.00	0.00	0.01	0.65	0.18
<i>A. DQ811848</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.70
<i>M.atlantae</i>	0.00	0.00	0.77	0.19	0.08
<i>B. coagulans</i>	0.00	0.00	0.00	0.19	0.78
<i>Muribaculum RAYW</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.56
<i>D. muris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.56
<i>L. PAC000671</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.53
<i>Muribaculaceae PAC01127</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.53
<i>A. lwoffii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.50

Supplementary table 03: Abundant OTUs (> 1%) in the benzonase digest approach (BDA) upon dilution (small mock community, OTUs used to constitute the mock community in bold letters)

	BDA_10⁸	BDA_10⁷	BDA_10⁵	BDA_10³	Control
<i>E. coli</i>	57.88	68.13	70.46	11.96	2.67
<i>S. aureus</i>	12.86	12.13	13.85	17.84	0.08
<i>M. luteus</i>	13.73	10.06	7.48	4.35	0.30
<i>M. osloensis</i>	7.01	6.78	4.21	12.62	0.18
<i>C. pseudodiphthericum</i>	8.42	2.82	1.45	3.30	0.00
<i>S. thermophilus</i>	0.00	0.00	0.80	10.44	0.00
<i>S. epidermidis</i>	0.01	0.00	0.06	2.22	0.08
<i>O. anthropi</i>	0.00	0.00	0.06	1.78	0.00
<i>Lawsonella sp</i>	0.00	0.00	0.25	0.74	1.05
<i>R. erythropolis</i>	0.00	0.00	0.32	5.08	2.14
<i>S. hominis</i>	0.05	0.04	0.13	2.67	0.38
<i>A. senegalensis</i>	0.00	0.00	0.01	2.55	0.49
<i>S. epidermidis</i>	0.03	0.01	0.05	1.39	0.18
<i>D. acidovorans</i>	0.00	0.00	0.16	1.18	1.78
<i>B. elkanii</i>	0.00	0.00	0.04	0.92	2.41
<i>U. oligocarboniphilum</i>	0.00	0.00	0.13	2.95	1.77
<i>R. solanacearum</i>	0.00	0.00	0.02	1.22	0.00
<i>C. genitalium</i>	0.00	0.00	0.00	1.70	0.05
<i>M. populi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	6.99
<i>PAC000328 EU861940</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.77
<i>L. reuteri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.30
<i>PAC000016 JQ427566</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.32
<i>EU289441 JF168546</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.11
<i>PAC001066 PAC001066</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.12
<i>L. gasseri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	12.07
<i>C. PAC001294</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.39
<i>Chthoniobacteraceae EF018472</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.27
<i>M. radiotolerans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.66
<i>Muribaculaceae. PAC001070</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	3.97
<i>S. gilvigriseus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	2.38
<i>Muribaculaceae. PAC001112</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	5.49
<i>Alistipes PAC002444</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	3.15
<i>S. maltophilia</i>	0.00	0.00	0.01	1.70	0.00
<i>Lachnospiraceae KE159571</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	4.18
<i>Muribaculaceae PAC001075</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	5.07
<i>Muribaculaceae PAC001064</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	2.39
<i>A. townneri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.87
<i>Muribaculum sp</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	2.07
<i>A. radioresistens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.70
<i>Muribaculaceae. PAC001112</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	2.32
<i>Muribaculaceae. PAC002480</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	2.37

Supplementary table 04: Abundant OTUs (> 1%) in the conventional approach (CA) upon dilution (small mock community, OTUs used to constitute the mock community in bold letters)

	CA_10 ⁸	CA_10 ⁷	CA_10 ⁵	CA_10 ³	Control
<i>E. coli</i>	69.03	64.29	24.32	5.82	0.01
<i>S. aureus</i>	5.04	5.57	45.52	8.44	6.29
<i>M. luteus</i>	2.82	3.20	2.83	0.03	0.00
<i>M. osloensis</i>	21.72	26.63	16.58	4.34	2.37
<i>C. pseudodiphthericum</i>	1.37	0.29	0.20	0.00	0.00
<i>A. xylosoxidans</i>	0.00	0.00	0.00	3.31	1.65
<i>S. soli</i>	0.00	0.00	0.00	2.13	0.00
<i>B. robiniae</i>	0.00	0.00	0.00	1.91	0.00
<i>D. acidovorans</i>	0.00	0.00	0.04	1.69	0.00
<i>U. oligocarboniphilum</i>	0.00	0.00	0.04	2.94	6.28
<i>R.pickettii</i>	0.00	0.00	0.28	2.52	5.07
<i>M. mucogenicum</i>	0.00	0.00	0.10	1.87	2.92
<i>H. marinus</i>	0.00	0.00	0.00	1.59	0.09
<i>B. simplex</i>	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00
<i>R. nasimurium</i>	0.00	0.00	0.10	2.60	0.44
<i>A. johnsonii</i>	0.00	0.00	0.01	3.96	4.86
<i>A.GQ051146</i>	0.00	0.00	0.00	2.91	0.00
<i>R. erythropolis</i>	0.00	0.01	0.25	5.71	1.99
<i>S. maltophilia</i>	0.00	0.00	0.02	0.46	2.26
<i>B. pseudomyoides</i>	0.00	0.00	0.11	4.37	7.40
<i>S. gilvigriseus</i>	0.00	0.00	0.49	5.42	4.46
<i>Lawsonella sp</i>	0.00	0.00	0.06	1.48	0.33
<i>S.arlettae</i>	0.00	0.00	0.01	1.51	0.15
<i>Lawsonella sp</i>	0.00	0.00	0.11	0.98	1.83
<i>M. luteus</i>	0.00	0.00	0.02	4.06	0.33
<i>P. putida</i>	0.00	0.00	0.01	1.78	0.59
<i>K. flava</i>	0.00	0.00	0.00	1.06	0.00
<i>R. solanacearum</i>	0.00	0.00	0.06	1.49	0.78
<i>C. aurimucosum</i>	0.00	0.00	0.01	1.11	0.43
<i>C. mycetoides</i>	0.00	0.00	0.01	1.14	0.00
<i>A. viridans</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	1.05
<i>D. incerta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.13
<i>D. polyhydroxybutyrativorans</i>	0.00	0.00	0.02	0.00	3.06
<i>S. nitritireducens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	2.16
<i>S. hankookensis</i>	0.00	0.00	0.16	0.00	4.09
<i>S. sacchari</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	2.22
<i>Acetobacteraceae. AJ292598</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.45
<i>S. aquatica</i>	0.00	0.00	0.03	0.00	2.14
<i>V. thermophilum</i>	0.00	0.00	0.07	0.00	1.84
<i>S. multivorans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.14
<i>T. thermophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.04
<i>N. canariense</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	1.45