Open Access
Asian Australas. J. Anim. Sci.
Vol. 28, No. 4 : 584-591 April 2015
http://dx.doi.org/10.5713/ajas.14.0651
www.ajas.info
pISSN 1011-2367 eISSN 1976-5517

Characterization of the Fecal Microbial Communities of Duroc Pigs Using 16S rRNA Gene Pyrosequencing

Edward Alain B. Pajarillo[1], Jong Pyo Chae[1], Marilen P. Balolong[1,2], Hyeun Bum Kim[1], Kang-Seok Seo[3], and Dae-Kyung Kang[1,*]

[1] Department of Animal Resources Science, Dankook University, Cheonan 330-714, Korea

- Supplementary Data –

TABLE OF CONTENTS

Supplementary Figure

Supplementary Figure S1 2

Supplementary Tables

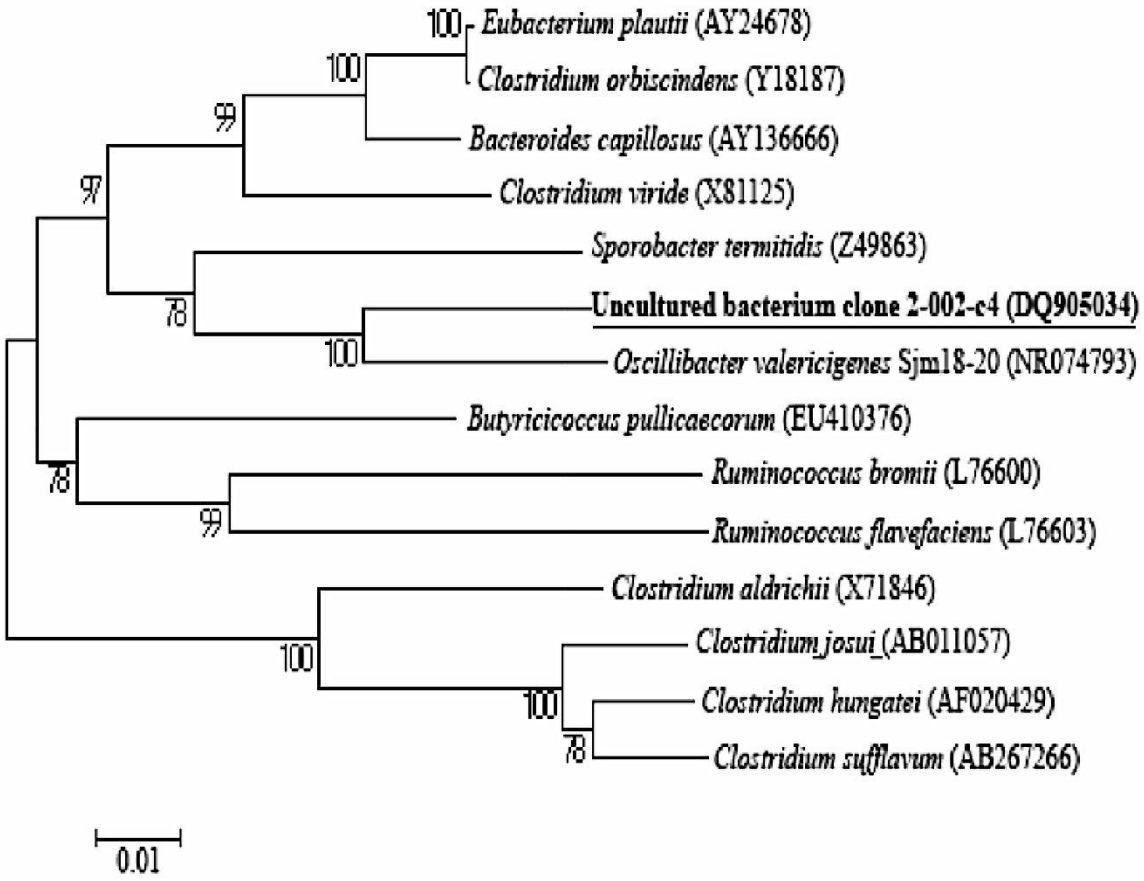
Supplementary Table S1 3

Supplementary Table S2 5

Supllementary Table S3 8

Supplementary Table S4 19

Supplementary Figure



Supplementary Figure S1. Neighbor-joining phylogenetic tree showing the relationship of some bacterial strains in the Ruminococcaceae group to an uncultured bacterial clone with a partial 16S rRNA gene sequence (underlined) from the pig fecal samples. The numbers adjacent to each node indicate the percentage of trees having a particular configuration during 1000 bootstrap trials. The scale bar represents fixed nucleotide substitutions per sequence position. The GenBank accession number of the nucleotide sequence used in this analysis is provided in parentheses.

Supplementary Tables

Supplementary Table S1. Composition of the basal feed diet (as-fed basis)[3]

Contents	Value
Ingredients (g/kg)	
Corn	553.8
Soybean meal	334.3
Molasses	25.0
Animal fat	53.3
Difluorinated phosphate	19.3
Limestone	7.8
L-lysine HCl	1.7
Trace mineral premix[1]	1.0
Vitamin premix[2]	1.2
Salt	2.0
DL-methionine	0.3
Choline chloride	0.3
Chemical composition (kcal/kg)	
ME (kcal.kg)	3,360

Crude protein (%)	20.00
Lysine (%)	1.30
Calcium (%)	0.90
Phosphorus (%)	0.80
Analyzed composition	
GE (kcal/kg)	4,112
Crude protein (%)	19.65
Calcium (%)	0.87
Phosphorus (%)	0.76

[1] Provided per kg of complete diet: 12.5 mg Mn, 179 mg Zn, 140 mg Cu, 0.5 mg I and 0.4 mg Se.
[2] Provided per kg of complete diet: 20,000 IU of vitamin A; 4,000 IU of vitamin D_3; 80 IU of vitamin E; 16 mg of vitamin K3; 4 mg of thiamine, 20 mg of riboflavin; 6 mg of pyridoxine; 0.08 mg of vitamin B_{12}; 120 mg of niacin; 50 mg of Ca-pantothenate; 2mg of folic acid and 0.08 mg of biotin.
[3] The additive was included in the diets by replacing the same amount of corn.

Supplementary Table S2. The bacterial genera identified in Duroc pigs at 30 weeks of age.

Genus	Pig 1	Pig 2	Pig 3	Pig 4	Pig 5	Pig 6	Pig 7	Pig 8	Pig 9	Pig 10	Pig 11	Pig 12	Pig 13	Pig 14	Pig 15	Pig 16	Pig 17
*Prevotella**	43.83	6.04	16.27	40.63	1.32	19.99	2.06	5.13	27.07	17.67	3.04	10.24	8.83	1.31	5.64	2.80	5.52
*Succinivibrio**	3.75	0.65	0.52	0.86	0.02	0.81	0.10	0.06	1.16	0.95	0.14	0.60	0.43	0.05	0.22	1.33	0.41
*Ruminococcus**	0.12	1.01	0.38	1.45	0.32	2.59	0.09	0.29	0.28	0.59	0.14	0.11	0.80	0.59	0.18	0.09	0.31
Oscillibacter	1.20	0.29	0.14	1.30	0.05	0.00	0.27	0.25	0.91	0.31	0.28	0.13	0.59	0.79	0.27	0.06	0.13
*Roseburia**	0.43	0.40	0.12	0.47	0.04	0.32	0.07	0.97	0.38	1.21	0.26	0.42	0.19	0.73	0.15	0.04	0.30
Escherichia	0.01	0.07	0.00	0.00	0.10	0.20	0.00	4.87	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00
*Clostridium**	0.17	0.28	0.24	0.77	0.09	0.54	0.07	0.09	0.84	0.31	0.09	0.03	0.35	0.19	0.03	1.09	0.04
Selenomonas	0.55	0.06	0.26	0.15	0.02	0.18	0.06	0.00	0.36	0.26	0.02	0.16	0.24	0.01	0.00	0.61	0.03
Faecalibacterium	0.07	0.10	0.28	0.56	0.03	0.09	0.14	0.17	0.21	0.02	0.02	0.07	0.14	0.27	0.15	0.03	0.00
Mitsuokella	1.12	0.00	0.16	0.12	0.00	0.00	0.00	0.00	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.08	0.00
Megasphaera	0.43	0.04	0.38	0.35	0.01	0.07	0.00	0.00	0.02	0.14	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.31	0.01
Streptococcus	0.11	0.10	0.43	0.41	0.01	0.00	0.00	0.03	0.02	0.10	0.00	0.00	0.31	0.01	0.34	0.00	0.00
Lachnospira	0.25	0.08	0.19	0.15	0.01	0.00	0.00	0.23	0.30	0.02	0.00	0.01	0.07	0.15	0.01	0.00	0.07
Subdoligranulum	0.04	0.04	0.12	0.18	0.05	0.09	0.00	0.35	0.00	0.02	0.05	0.01	0.05	0.20	0.00	0.08	0.04
Butyricicoccus	0.06	0.06	0.07	0.86	0.04	0.00	0.01	0.08	0.04	0.00	0.00	0.01	0.09	0.01	0.04	0.00	0.00
Blautia	0.14	0.01	0.09	0.38	0.00	0.00	0.01	0.06	0.06	0.00	0.05	0.01	0.05	0.11	0.00	0.00	0.01
Schwartzia	0.02	0.18	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01	0.05	0.28	0.02	0.14	0.00	0.00	0.05	0.04	0.02	0.00
Dialister	0.13	0.01	0.14	0.00	0.01	0.02	0.04	0.06	0.00	0.02	0.00	0.03	0.02	0.01	0.00	0.03	0.15
Victivallis	0.01	0.01	0.05	0.06	0.13	0.00	0.00	0.06	0.00	0.00	0.02	0.00	0.09	0.04	0.00	0.14	0.03
Lactobacillus	0.01	0.03	0.14	0.21	0.09	0.00	0.00	0.00	0.08	0.00	0.07	0.03	0.12	0.00	0.03	0.02	0.00
Lactonifactor	0.02	0.03	0.03	0.03	0.03	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.17	0.19	0.00	0.01	0.07
Bacteroides	0.06	0.00	0.03	0.03	0.02	0.02	0.04	0.05	0.02	0.07	0.09	0.05	0.02	0.01	0.03	0.03	0.00
Turicibacter	0.00	0.07	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.07	0.02	0.00	0.02	0.01	0.03	0.17	0.01
Pseudoflavonifractor	0.00	0.03	0.00	0.18	0.04	0.00	0.07	0.00	0.21	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
Dorea	0.08	0.00	0.02	0.50	0.01	0.00	0.01	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Acidaminococcus	0.10	0.01	0.14	0.30	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00
Sutterella	0.05	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.03	0.00	0.02	0.00	0.00	0.03	0.09	0.00	0.01	0.01	0.00
Delftia	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.05	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.11	0.00
Sulfitobacter	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.33	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Anaerosporobacter	0.00	0.01	0.00	0.12	0.00	0.00	0.00	0.06	0.02	0.02	0.00	0.01	0.02	0.01	0.00	0.00	0.00
Coprococcus	0.06	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.01	0.04
Fibrobacter	0.06	0.04	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
Parabacteroides	0.04	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.03
Campylobacter	0.01	0.03	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.01	0.00	0.00
Pseudomonas	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.05	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.02	0.00
Parasutterella	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.05	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03
Helicobacter	0.04	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Catenibacterium	0.00	0.01	0.00	0.18	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Cellulosilyticum	0.00	0.06	0.00	0.03	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00

Anaerovibrio	0.04	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
Alistipes	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.12	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Vibrio	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.07	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Enterobacter	0.02	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Bradyrhizobium	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01
Actinobacillus	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.09	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Allisonella	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Sphingomonas	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00
Paraprevotella	0.00	0.00	0.00	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Oscillospira	0.01	0.01	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Olsenella	0.00	0.00	0.03	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Klebsiella	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Citrobacter	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Sharpea	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Terrimonas	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
Phascolarctobacterium	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Fusobacterium	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Lysobacter	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00
Propionibacterium	0.00	0.01	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Haemophilus	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Pelagibacter	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Chondromyces	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Flavonifractor	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Orbus	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Aquincola	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Nitratireductor	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Hyphomicrobium	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Oxalobacter	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Bifidobacterium	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Prosthecomicrobium	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Ensifer	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00
Elusimicrobium	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Mucispirillum	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Leclercia	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Luteimonas	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Psychrosinus	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Sphingobium	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Collinsella	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Chryseobacterium	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Bartonella	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Anaerostipes	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

Sphingopyxis	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00
Afipia	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00
Syntrophococcus	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Rhodanobacter	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Mesorhizobium	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Acinetobacter	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Megamonas	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Alysiomicrobium	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
Serratia	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00

** - core bacteria found in all Duroc pigs (n = 17)*

Supplementary Table S3. The unclassified bacterial operational taxonomic units (95% identity) identified in Duroc pigs at 30 weeks of age

Unclassified genera	Pig 1	Pig 2	Pig 3	Pig 4	Pig 5	Pig 6	Pig 7	Pig 8	Pig 9	Pig 10	Pig 11	Pig 12	Pig 13	Pig 14	Pig 15	Pig 16	Pig 17
DQ905034_g*	0.9	6.3	16.0	1.8	1.3	21.7	34.9	8.5	1.4	10.3	19.4	24.2	12.0	9.9	13.2	7.9	12.8
Ruminococcaceae_uc*	3.0	13.3	12.1	4.3	2.8	9.3	13.8	7.6	4.0	9.3	10.4	8.7	9.7	14.9	12.5	5.2	13.5
Clostridiales_uc_g*	6.6	13.0	10.2	6.4	3.9	5.0	12.7	8.0	8.9	11.1	13.8	8.3	8.9	10.4	15.2	2.5	6.0
Bacteroidales_uc_g*	5.5	8.7	2.4	4.3	17.7	3.2	3.5	5.5	10.6	3.5	4.1	8.1	6.0	1.7	9.0	2.2	5.3
FJ848419_f_uc	0.0	2.4	0.0	0.0	53.5	0.0	0.8	0.0	0.5	0.1	0.3	0.0	1.5	0.0	0.9	0.0	0.0
EU843283_g*	1.4	0.5	0.7	1.4	0.6	1.1	1.5	4.0	0.9	1.0	1.5	0.9	3.2	1.5	1.9	43.8	0.3
EF602759_f_uc*	1.2	4.2	1.9	0.5	0.2	2.8	1.8	22.8	2.0	1.2	1.6	9.2	2.9	3.1	0.9	4.4	4.8
EF404137_g*	0.2	7.9	6.2	0.3	2.7	4.2	3.5	3.2	0.2	3.9	2.1	0.3	2.2	6.3	2.7	4.6	1.0
EF404362_g*	1.0	2.7	3.1	1.2	1.4	2.5	5.1	4.2	0.6	3.2	4.7	3.1	4.7	9.7	1.6	0.7	1.7
EF602759_g*	0.6	0.8	0.3	0.1	0.6	5.2	4.3	1.1	0.2	1.9	2.0	0.0	0.7	6.1	0.5	0.5	16.1
Prevotellaceae_uc*	7.0	1.7	1.3	4.8	0.2	1.5	0.5	1.3	4.4	1.8	0.6	2.0	1.3	0.4	1.4	0.3	3.6
EF404805_g*	0.6	0.8	2.3	1.1	0.7	2.1	1.1	0.4	0.1	5.5	1.3	1.1	6.7	1.5	3.3	0.2	3.9
EU845084_f_uc*	0.4	3.2	1.5	0.8	0.5	2.3	2.1	0.8	2.0	1.6	1.7	1.0	1.4	0.2	1.7	0.3	0.3
Veillonellaceae_uc*	3.9	0.9	2.5	4.8	0.2	0.1	0.2	1.2	4.1	0.5	0.5	0.1	0.6	0.3	0.1	0.8	0.3
Clostridia_uc_g*	1.3	1.9	1.2	1.4	0.6	0.4	0.9	1.1	2.0	0.5	1.0	1.2	0.5	1.0	1.3	0.4	0.9
Bacteroidia_uc_g*	1.7	1.7	0.5	0.6	0.9	0.4	0.4	0.6	2.5	0.4	0.9	1.2	0.9	0.3	1.5	0.5	1.8
EU531896_g	0.0	0.3	0.2	0.2	0.0	0.0	2.0	0.0	0.5	0.0	18.3	0.0	0.1	0.0	0.6	0.0	0.0
Lachnospiraceae_uc*	0.8	0.8	1.1	0.9	0.1	0.8	0.6	1.1	0.8	0.8	0.5	2.2	1.1	1.7	0.7	0.3	0.6
AF132235_g	0.2	0.8	2.7	0.0	0.2	0.8	0.1	0.4	0.1	0.7	0.6	1.0	1.6	1.0	0.8	0.7	2.9
Mogibacterium_f_uc*	0.3	0.5	0.5	0.3	1.8	0.3	0.2	0.4	0.4	0.2	1.5	0.1	0.5	1.4	2.5	1.5	1.0
EU777390_g*	2.0	0.9	0.6	2.7	0.5	0.7	0.3	0.7	1.8	0.8	0.4	0.1	1.3	0.7	0.5	0.3	0.9
AM183112_g*	0.1	0.3	0.6	0.1	0.4	0.7	0.1	0.1	0.0	0.4	0.0	0.1	0.1	0.6	0.3	5.0	1.1
EU471817_f_uc*	0.0	0.1	0.2	0.1	0.3	1.0	0.1	0.7	0.0	0.5	0.2	0.4	0.9	0.4	2.0	0.2	4.4
EF686609_f_uc*	0.0	0.3	0.6	0.1	2.5	0.9	0.8	0.9	0.2	0.3	0.5	0.2	0.5	0.4	1.2	0.3	0.2
EU470254_g	0.0	0.3	0.2	0.0	0.1	0.1	0.3	0.9	0.0	2.6	0.3	0.5	1.2	2.2	0.4	1.2	0.4
Erysipelotrichales_uc*_g	0.1	0.7	0.1	0.2	0.0	0.1	0.1	0.7	0.5	0.3	0.1	1.9	0.9	1.1	0.3	0.4	0.2
Clostridium_g4*	0.1	0.3	0.2	0.3	0.3	0.2	0.1	0.2	0.1	0.2	0.2	0.2	0.5	0.2	0.1	2.7	0.0
Clostridium_g12	0.3	0.2	0.5	0.6	0.1	0.8	0.0	0.7	0.2	0.0	0.2	0.8	0.7	1.1	0.2	0.0	0.2
EF404684_g*	0.1	0.7	1.7	0.2	0.1	0.2	0.0	0.3	0.2	0.5	0.2	0.0	0.2	0.3	0.9	0.0	1.0
DQ394632_f_uc*	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.2	0.0	0.1	0.1	0.0	3.3	0.6	0.4	0.1	0.0	0.1
Treponema_g1	0.1	0.4	0.0	0.6	0.0	0.0	0.0	0.0	4.7	0.0	0.0	0.0	0.7	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ809526_f_uc*	0.1	0.3	0.3	0.1	0.2	0.4	0.3	0.2	0.2	0.1	0.3	0.6	0.2	0.6	0.6	0.2	0.7
Bacteroidaceae_uc*	0.6	0.4	0.0	0.5	0.0	0.1	0.1	0.3	0.7	0.1	0.1	0.4	0.3	0.1	0.1	0.5	0.3
EU773455_g	1.2	0.1	0.1	0.4	0.0	0.1	0.0	0.2	1.1	0.1	0.0	0.1	0.3	0.3	0.0	0.1	0.1
AM275436_o_uc_g	0.0	0.4	0.3	0.1	0.1	0.0	0.2	0.3	0.5	0.2	0.1	0.2	0.5	0.3	0.8	0.0	0.1
AM275436_g*	0.1	0.1	0.3	0.5	0.0	0.5	0.1	0.1	0.2	0.2	0.1	0.0	0.3	0.2	1.1	0.2	0.1
EF400892_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	0.7	0.0	0.4	0.0	0.4	0.0	1.2	0.0	0.1	0.2

EF401843_g	0.0	0.0	0.5	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.9	0.1	0.3	0.9	0.2
EF404633_g	0.0	0.4	0.1	0.2	0.2	0.0	0.2	0.0	0.2	0.4	0.1	0.0	0.6	0.2	0.7	0.0	0.1
EF686635_f_uc	0.0	0.3	0.0	0.0	0.1	0.0	0.4	0.1	0.1	0.2	0.7	0.2	0.6	0.4	0.1	0.0	0.0
DQ809526_g	0.0	0.2	0.3	0.0	0.0	0.2	0.1	0.2	0.0	0.1	0.1	0.5	0.3	0.3	0.2	0.1	0.4
AF371945_f_uc	0.0	1.4	0.0	0.0	0.2	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.3	0.0	0.0	0.3	0.2	0.0	0.0
EU762139_g	0.0	0.2	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.0	0.7	0.3	0.0	0.1	0.7	0.1	0.0	0.1
AM500787_g	0.0	0.2	0.4	0.1	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	0.2	0.1	0.2	0.2	0.5	0.1	0.2	0.0
AF371619_g	0.1	0.1	0.3	0.2	0.0	0.0	0.0	0.2	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	1.4	0.0	0.0	0.0
AF371945_g	0.1	1.1	0.2	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.3	0.2	0.1	0.0	0.1	0.0	0.4	0.0	0.0
AF371907_g	0.6	0.0	0.0	1.2	0.0	0.0	0.0	0.0	1.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0
Rikenellaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AM237928_g*	0.1	0.3	0.4	0.1	0.1	0.4	0.0	0.1	0.2	0.2	0.1	0.1	0.1	0.1	0.2	0.1	0.1
Porphyromonadaceae_uc	0.4	0.2	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.5	0.1	0.0	0.1	0.1	0.0	0.1	0.1	0.2
GU112192_f_uc*	0.1	0.4	0.2	0.0	0.0	0.1	0.2	0.0	0.0	0.1	0.1	0.1	0.2	0.2	0.1	0.2	0.2
FJ367060_f_uc	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	0.3	0.3	0.7	0.0	0.0
Bacteroidetes_uc_g	0.2	0.2	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.2	0.3	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.2	0.1	0.2
Firmicutes_uc_g*	0.1	0.3	0.1	0.1	0.1	0.1	0.1	0.2	0.1	0.0	0.2	0.2	0.0	0.1	0.1	0.0	0.1
DQ673580_f_uc	0.0	0.3	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	0.8	0.3	0.1	0.0	0.1	0.2	0.0	0.0
DQ353908_g	0.0	0.1	0.0	0.1	0.3	0.0	0.0	0.0	0.1	0.7	0.0	0.0	0.2	0.2	0.0	0.0	0.1
EF406806_g	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.2	0.0	0.0	0.4	0.4	0.0	0.1	0.0	0.1	0.3
EU470327_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.2	0.0	0.1	0.1	0.8	0.1	0.2	0.0
FJ848415_g	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	0.1	0.1	0.2	0.4	0.1	0.1	0.0
Clostridiaceae_uc	0.1	0.1	0.1	0.3	0.1	0.2	0.1	0.1	0.2	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.1	0.0
AM696861_g	0.0	0.0	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.5	0.1	0.0	0.2	0.2	0.0	0.1	0.0
Clostridium_g9	0.1	0.2	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.1	0.3	0.0	0.0	0.1	0.2	0.2	0.1	0.0	0.1
EU259447_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.2	0.2	0.1	0.1	0.1
EU453572_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.3	0.0	0.0	0.1	0.0	0.2	0.1	0.3	0.1	0.0	0.2
4P000063_g	0.0	0.3	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.2	0.1	0.2	0.0	0.1	0.1	0.1	0.1
Paraprevotella_f_uc	0.4	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.1	0.0
Succinivibrionaceae_uc	0.4	0.1	0.1	0.1	0.0	0.2	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1
EU382067_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	0.5	0.1	0.1	0.0	0.0	0.1
EU844239_f_uc	0.0	0.3	0.2	0.0	0.0	0.0	0.1	0.2	0.1	0.1	0.0	0.0	0.3	0.0	0.1	0.0	0.0
AY442825_g	0.1	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.2	0.0	0.0	0.1	0.1	0.2	0.0	0.0	0.1
DQ394602_g	0.0	0.1	0.2	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.1	0.5	0.0	0.0
EU622681_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.1	0.3	0.3	0.0	0.0	0.2
EF445272_f_uc	0.0	0.3	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.3	0.1	0.2	0.0	0.1
EU844703_g	0.0	0.2	0.0	0.1	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	0.2	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0
Erysipelotrichi_uc_g	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.2	0.2	0.0	0.0	0.1	0.1	0.1	0.1	0.1	0.0
DQ353908_f_uc	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.4	0.2	0.3	0.0	0.1
AY212779_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.3	0.1	0.1	0.0	0.1	0.1
GQ451236_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.5	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.2	0.0

DQ394628_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.2	0.1	0.1
Mollicutes_uc_g	0.0	0.1	0.1	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.2	0.1	0.0	0.0	0.1	0.1	0.2	0.0	0.0
EU844456_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.2	0.1	0.0
EU842564_g	0.0	0.2	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	0.3	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ394617_g	0.0	0.1	0.1	0.1	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.1	0.1	0.0
AB185724_f_uc	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.5	0.0	0.0
AB185563_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.3	0.0	0.0	0.1
FJ848414_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0
AM275436_f_uc	0.0	0.1	0.2	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.2	0.1	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0
Spirochaetaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
FJ367060_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.3	0.1	0.0	0.0
Spirochaetales_uc_g	0.1	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU463782_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.4
EU474837_f_uc	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0
GQ451225_g	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.3	0.0	0.2	0.0	0.0
EU381770_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.2	0.2	0.0	0.0
EF999382_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.1	0.1	0.1	0.0	0.1
AY854276_g	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.2	0.0	0.0
Aeromonadales_uc_g	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0
Erysipelotrichaceae_uc	0.0	0.1	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0
Spirochaeta_g5	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ042982_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1
Lentisphaera_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1
AB185535_f_uc	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0
EF403870_g	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Victivallaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1
AM500831_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.2	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
EF445272_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0
EU473487_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AM982589_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ532165_g	0.0	0.0	0.2	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0
EU843169_g	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0
AB185563_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0
Peptostreptococcaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
EU844042_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0
Sutterella_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
4P000374_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0
AM277955_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0
AF371925_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ809955_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
EF604607_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0

AB185563_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
Eubacterium_g9	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
AB185519_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0
AM696934_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ897824_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1
EU509850_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU381813_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0
EU137603_g	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU622719_g	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF404806_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Eubacterium_g7	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
EU381473_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.2	0.0	0.0	0.0
4P000266_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
EU844474_f_uc	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451199_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
EU470259_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.1
ADDX_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF401882_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
Bacilli_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF445280_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU843299_g	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
Spirochaetes_c_uc_g	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB270013_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Eubacterium_g4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
JS1_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Bacillus_g6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0
AB034027_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ326408_g	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF404387_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AM500755_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0
DQ809955_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GU174150_g	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Lactobacillales_uc_g	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P000387_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ777914_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1
4P000164_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
Gammaproteobacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Lentisphaerae_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Myxococcales_uc_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF436338_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF406830_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

GQ896745_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
DQ353920_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU259468_f_uc	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF499908_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Eubacterium_g8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Butyrivibrio_g1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0
Streptococcaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU474510_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P000375_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU382029_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0
EU843879_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ673502_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF436386_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY976335_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AB185535_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU157189_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Ruminococcus_g1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB034016_o_uc_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Serratia_g1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
EF403019_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Terasakiella_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Bacillales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU507327_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ897158_g	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB034016_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF371930_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Eubacterium_g5	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Victivallales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU771611_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF603769_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Coprococcus_g1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU259425_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF686609_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Bacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P001050_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0
EU471740_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
EF604607_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF436292_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Enterobacteriaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB240353_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Spirochaetes_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

EU259405_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ673492_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Burkholderiales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AM930368_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF001775_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
EF403383_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF404845_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AM500806_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU844841_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451193_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Tenericutes_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GU112192_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU467267_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU844239_g	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU381674_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ326408_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Lactobacillaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU844544_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Turicibacter_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ808472_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Acholeplasmatales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU469690_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Coriobacteriaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU507559_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
FJ848429_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ115991_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0
AF349416_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU381783_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU844787_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU474837_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF402071_g	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ353922_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ395464_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU844187_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU471865_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF401875_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Alphaproteobacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
FJ848408_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Elusimicrobiales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU473570_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Desulfovibrionaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

Coriobacteriales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF436387_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P000440_g	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P001450_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF481205_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF234698_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF603632_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Betaproteobacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU471844_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF349418_g	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF559152_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ897834_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451184_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU157189_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB185535_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU843411_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ394641_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Flavobacteriaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AM500802_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ394961_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ394666_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU842511_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF402988_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU473470_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Planctomycetaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AM500748_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF100084_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF404630_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Puniceicoccales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY858456_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
FJ848428_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Planctomycetales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P000266_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF402584_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU382038_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ071475_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU181473_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Vampirovibrio_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451190_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY921704_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU381732_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

Fibrobacterales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451249_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Proteobacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB034016_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU844681_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Enterobacteriales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Cyanobacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ532145_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF432141_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Bacillus_g2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU385686_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Elusimicrobia_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451190_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU459585_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ337063_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ532145_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Coriobacteriia_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ815761_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU471747_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU385929_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Rhodobacteraceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Sterolibacterium_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU259405_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
FJ848395_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ864252_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU845314_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU471675_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY093464_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Carboxydocella_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU181496_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB185816_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AJ630296_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB034015_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU194829_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Actinobacteria_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU844075_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Fibrobacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451237_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU842532_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU234093_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GU120120_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

Eubacterium_g2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Syntrophaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Verrucomicrobiae_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AJ306766_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
JS1_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ871738_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU385778_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AJ306766_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB218327_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451286_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY869671_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
FJ517038_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF371865_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU048684_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY093478_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Flavobacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AM275757_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY218639_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF406722_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451249_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU454963_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF405402_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB240382_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU771205_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF406864_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AJ387898_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU463721_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Eubacteriaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ451179_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ115990_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU385784_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU048617_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF407200_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GU303975_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ394968_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU475408_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P001187_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P001657_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GU303975_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU381427_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU381776_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

EU843411_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU382016_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU385862_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY218694_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
FJ028733_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Thermodesulfovibrio_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY921704_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU844249_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU048687_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AB009195_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU843933_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU622749_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ105656_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Sphaerotilus_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Fibrobacteraceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU504118_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AF371579_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P000393_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
TM7_c_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU181466_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
4P000482_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ353904_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU843991_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ394632_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Flavobacteriales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ071485_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ673502_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF404038_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF400741_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
SAR406_o_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY212771_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF405415_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF559225_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU542439_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Eubacterium_g10	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Rhizobiales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF405133_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ353936_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU475710_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EF520417_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU843943_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AB286567_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
DQ673483_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU381783_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU622296_f_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Anaeroplasmataceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
GQ038595_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Deltaproteobacteria_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Pasteurellaceae_uc	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
CD12_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Verrucomicrobiales_uc_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU491404_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
EU843437_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AY212660_g	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

** - core bacteria found in all Duroc pigs (n = 17)*

Supplementary Table S4. Mean relative abundance, standard deviation, and variance of the most abundant groups from the phylum to the genus level in the pigs.

Phylum level	Mean	Std.Dev	Variance
Firmicutes	54.5	16.4	267.5
Bacteroidetes	39.7	16.5	273.1
Lentisphaerae	2.1	1.9	3.7
Proteobacteria	1.4	1.5	2.1
Tenericutes	1.4	1.1	1.2
Class level	**Mean**	**Std.Dev**	**Variance**
Clostridia	53.3	16.2	261.1
Bacteroidia	39.6	16.5	272.3
Mollicutes	1.4	1.1	1.2
Gammaproteobacteria	1.2	1.4	2.1
AB185563_c	1.1	1.2	1.5
Order level	**Mean**	**Std.Dev**	**Variance**
Clostridiales	52.2	16.2	262.0
Bacteroidales	38.6	16.3	266.7
AM275436_o	1.3	1.1	1.1
AB185563_o	1.0	1.2	1.4
Clostridia_uc	1.0	0.5	0.2
Family level	**Mean**	**Std.Dev**	**Variance**
Bacteroidales_uc	6.0	4.0	15.8
Clostridiales_uc	8.9	3.6	13.0
EF602759_f	10.5	12.4	152.6
Prevotellaceae	14.8	15.0	224.3
Ruminococcaceae	34.5	15.0	224.1

Genus level (Classified)	Mean	Std.Dev	Variance
Clostridium	0.3	0.3	0.1
Prevotella	12.8	13.3	177.1
Roseburia	0.4	0.3	0.1
Ruminococcus	0.6	0.6	0.4
Succinivibrio	0.7	0.9	0.8
Genus level (Unclassified)	Mean	Std.Dev	Variance
DQ905034_g	11.9	9.2	85.1
EF404137_g	3.0	2.3	5.3
EF404362_g	3.0	2.3	5.1
EF602759_g	2.4	4.0	15.9
EU843283_g	3.9	10.3	106.4