

Table S1. Taxonomic distribution of phyla and genera of acetate metabolism and mean reads.

item	taxa	G(%±SD)	Y(%±SD)	p value
phyla				
PTA	Firmicutes	23.39±1.01	21.39±0.23	0.07
PTA	Bacteroidetes	16.67±3.59	24.23±1.35	0.03
PTA	Fibrobacteres	9.60±1.51	7.02±1.80	0.13
PTA	Spirochaetes	3.26±0.56	2.17±0.55	0.04
PTA	Acidobacteria	0.04±0.02	0.18±0.24	0.43
PTA	Actinobacteria	0.23±0.14	0.02±0.01	0.04
PTA	Deferribacteres	0.00±0.00	0.02±0.04	0.51
PTA	Proteobacteria	0.94±1.24	0.45±0.38	0.58
PTA	Tenericutes	0.06±0.11	0.00±0.00	0.51
ACH	Firmicutes	1.72±0.45	0.71±0.13	0.02
ACH	Atribacteria	1.12±0.74	0.60±0.41	0.35
ACH	Proteobacteria	0.19±0.04	0.17±0.10	0.68
ACH	Synergistetes	0.05±0.07	0.25±0.21	0.18
FTHFS	Firmicutes	25.31±2.02	19.92±2.92	0.06
FTHFS	norank	5.95±1.88	8.01±0.73	0.15
FTHFS	Bacteroidetes	3.96±1.23	9.48±0.84	0.00
FTHFS	Spirochaetes	3.93±0.91	2.54±0.24	0.06
FTHFS	Actinobacteria	0.62±0.39	0.19±0.03	0.08
FTHFS	Planctomycetes	0.92±0.21	0.74±0.24	0.38
FTHFS	Proteobacteria	0.73±0.63	0.81±0.25	0.84
FTHFS	Thermodesulfobacteria	0.50±0.17	0.67±0.48	0.59
FTHFS	Synergistetes	0.33±0.38	0.11±0.05	0.41
FTHFS	Chloroflexi	0.24±0.04	0.29±0.06	0.37
FTHFS	Euryarchaeota	0.21±0.18	0.03±0.01	0.10
FTHFS	Tenericutes	0.03±0.05	0.00±0.00	0.51
genera				
PTA	<i>norank</i>	11.86±0.88	12.54±2.48	0.68
PTA	<i>Fibrobacter</i>	9.07±1.42	6.31±1.73	0.10
PTA	<i>Prevotella</i>	6.68±2.16	10.98±1.82	0.06
PTA	<i>Bacteroides</i>	5.34±1.48	7.70±1.89	0.16
PTA	<i>Treponema</i>	2.85±0.68	1.70±0.47	0.07
PTA	<i>Ruminococcus</i>	2.22±0.52	1.12±0.59	0.07
PTA	<i>Clostridium</i>	2.12±0.66	1.74±0.96	0.61
PTA	<i>Paludibacter</i>	1.25±0.52	0.81±0.86	0.49
PTA	<i>Butyrivibrio</i>	1.21±0.36	1.13±0.69	0.87
PTA	<i>Blautia</i>	0.90±0.08	0.63±0.23	0.13
PTA	<i>Tannerella</i>	0.76±0.83	0.40±0.32	0.53
PTA	<i>Roseburia</i>	0.67±0.60	0.08±0.09	0.23
PTA	<i>Pseudobutyrvibrio</i>	0.65±0.20	0.86±0.54	0.56
PTA	<i>Eubacterium</i>	0.60±0.34	0.08±0.03	0.04
PTA	<i>Butyricimonas</i>	0.53±0.22	1.17±0.31	0.04
PTA	<i>Lachnoclostridium</i>	0.51±0.35	0.28±0.17	0.37
PTA	<i>Chitinivibrio</i>	0.51±0.15	0.72±0.38	0.41
PTA	<i>Spirochaeta</i>	0.36±0.19	0.29±0.02	0.78
PTA	<i>Porphyromonas</i>	0.33±0.15	0.00±0.00	0.07
PTA	<i>Dysgonomonas</i>	0.31±0.17	0.62±0.34	0.23
PTA	<i>Prolixibacter</i>	0.22±0.11	0.30±0.16	0.53
PTA	<i>Barnesiella</i>	0.18±0.13	0.39±0.28	0.32

PTA	<i>Flavonifractor</i>	0.16±0.09	0.20±0.13	0.67
PTA	<i>Caldanaerobius</i>	0.12±0.04	0.13±0.11	0.98
PTA	<i>Acetobacter</i>	0.12±0.14	0.00±0.00	0.20
PTA	<i>Rikenella</i>	0.12±0.11	0.11±0.07	0.89
PTA	<i>Azospirillum</i>	0.10±0.17	0.00±0.00	0.51
PTA	<i>Oribacterium</i>	0.10±0.02	0.03±0.03	0.04
PTA	<i>Syntrophothermus</i>	0.06±0.08	0.15±0.25	0.67
PTA	<i>Alistipes</i>	0.05±0.07	0.79±1.12	0.29
PTA	<i>Holophaga</i>	0.04±0.02	0.18±0.24	0.70
PTA	<i>Odoribacter</i>	0.02±0.03	0.27±0.42	0.22
PTA	<i>Caldicellulosiruptor</i>	0.01±0.01	0.14±0.14	0.12
ACH	<i>Clostridium</i>	0.24±0.42	0.00±0.00	0.51
ACH	<i>Eubacterium</i>	0.23±0.04	0.22±0.11	0.94
ACH	<i>Clostridiisalibacter</i>	0.11±0.06	0.01±0.01	0.08
ACH	<i>Flavonifractor</i>	0.10±0.07	0.01	0.05
ACH	<i>Ochrobactrum</i>	0.04±0.03	0.12±0.09	0.19
ACH	<i>Pyramidobacter</i>	0.00±0.00	0.13±0.14	0.20
FTHFS	<i>norank</i>	13.82±2.00	14.74±0.47	0.48
FTHFS	<i>Treponema</i>	3.93±0.90	2.52±0.26	0.06
FTHFS	<i>Ruminococcus</i>	3.53±1.93	1.90±0.57	0.23
FTHFS	<i>Clostridium</i>	3.26±1.40	2.50±1.44	0.55
FTHFS	<i>Butyrivibrio</i>	2.89±0.90	2.63±1.02	0.75
FTHFS	<i>Prevotella</i>	2.66±1.44	6.80±1.12	0.02
FTHFS	<i>Oscillibacter</i>	1.60±0.43	0.86±0.46	0.11
FTHFS	<i>Eubacterium</i>	1.23±0.45	0.99±0.58	0.59
FTHFS	<i>Candidatus Kuenenia</i>	0.92±0.21	0.70±0.23	0.28
FTHFS	<i>Bacteroides</i>	0.79±0.42	2.28±0.97	0.07
FTHFS	<i>Pseudobutyrvibrio</i>	0.56±0.22	1.19±0.70	0.21
FTHFS	<i>Thermodesulfator</i>	0.50±0.17	0.67±0.48	0.59
FTHFS	<i>Pseudoflavonifractor</i>	0.41±0.37	0.02±0.02	0.07
FTHFS	<i>Lachnoclostridium</i>	0.41±0.49	0.30±0.22	0.75
FTHFS	<i>Desulfomonile</i>	0.29±0.17	0.68±0.31	0.13
FTHFS	<i>Blautia</i>	0.28±0.37	0.04±0.07	0.22
FTHFS	<i>Atopobium</i>	0.25±0.22	0.01±0.01	0.35
FTHFS	<i>Dehalococcoides</i>	0.24±0.04	0.29±0.06	0.37
FTHFS	<i>Paraprevotella</i>	0.19±0.21	0.32±0.26	0.53
FTHFS	<i>Dorea</i>	0.16±0.20	0.01±0.00	0.35
FTHFS	<i>Thermosediminibacter</i>	0.16±0.15	0.03±0.04	0.14
FTHFS	<i>Cloacibacillus</i>	0.15±0.15	0.11±0.05	0.65
FTHFS	<i>Lachnobacterium</i>	0.15±0.25	0.00±0.00	0.20
FTHFS	<i>Bacillus</i>	0.14±0.18	0.01±0.01	0.11
FTHFS	<i>Selenomonas</i>	0.14±0.14	0.20±0.14	0.91
FTHFS	<i>Coprobacillus</i>	0.13±0.05	0.24±0.10	0.18
FTHFS	<i>Phascolarctobacterium</i>	0.13±0.05	0.67±0.18	0.01
FTHFS	<i>Azospirillum</i>	0.13±0.22	0.00±0.00	0.51

Table S2. Taxonomic distribution of phyla and genera of butyric acid metabolism and mean reads.

item	taxa	G(%±SD)	Y(%±SD)	p value
phyla				
BHBD	Firmicutes	14.2±1.37	13.45±2.08	0.63
BHBD	Bacteroidetes	3.73±0.26	5.28±1.24	0.10
BHBD	Chloroflexi	0.13±0.13	0.31±0.23	0.31
BHBD	Euryarchaeota	0.19±0.29	0.06±0.04	1.00
THL	Firmicutes	1.22±1.05	0.38±0.37	0.26
PTB	Bacteroidetes	14.8±3.38	20.41±0.87	0.17
PTB	Firmicutes	12.51±5.97	6.32±1.37	0.09
PTB	norank	0.55±0.17	0.54±0.17	0.97
PTB	Cloacimonetes	0.32±0.45	0.31±0.23	0.97
PTB	Acidobacteria	0.31±0.24	0.16±0.17	0.45
PTB	Elusimicrobia	0.12±0.21	0.14±0.24	1.00
BK	Firmicutes	28.44±1.91	28.26±5.49	0.96
BK	Bacteroidetes	17.19±3.85	17.76±3.14	0.85
BK	Actinobacteria	0.56±0.52	0.08±0.09	0.19
BK	Elusimicrobia	0.01±0.02	0.13±0.23	1.00
BCACT	Bacteroidetes	3.78±0.38	4.94±1.51	0.26
BCACT	Firmicutes	1.28±0.25	1.00±0.41	0.38
BCACT	Fusobacteria	0.46±0.11	0.25±0.03	1.00
BCACT	Synergistetes	0.00±0.00	0.10±0.11	0.20
genera				
BHBD	<i>Alistipes</i>	3.72±0.23	5.28±1.23	0.10
BHBD	norank	3.00±0.43	3.50±1.05	0.49
BHBD	<i>Butyrivibrio</i>	2.69±0.62	2.47±1.36	0.81
BHBD	<i>Ruminococcus</i>	1.50±1.02	0.79±0.53	0.35
BHBD	<i>Oscillibacter</i>	1.08±0.26	0.94±0.26	0.55
BHBD	<i>Clostridium</i>	0.99±0.44	0.70±0.13	0.34
BHBD	<i>Pseudobutyrovibrio</i>	0.85±0.40	0.50±0.19	0.24
BHBD	<i>Clostridiisalibacter</i>	0.46±0.16	0.52±0.06	0.62
BHBD	<i>Eubacterium</i>	0.43±0.12	0.69±0.08	0.04
BHBD	<i>Flavonifractor</i>	0.33±0.22	0.60±0.23	0.21
BHBD	<i>Coprobacillus</i>	0.20±0.19	0.21±0.12	0.93
BHBD	<i>Methanobrevibacter</i>	0.19±0.29	0.04±0.05	0.52
BHBD	<i>Roseburia</i>	0.14±0.15	0.30±0.17	0.29
BHBD	<i>Faecalibacterium</i>	0.13±0.12	0.00±0.00	0.20
BHBD	<i>Caldanaerobacter</i>	0.06±0.07	0.13±0.18	0.58
BHBD	<i>Desulfitobacterium</i>	0.01±0.01	0.14±0.22	0.36
THL	<i>Desulfitobacterium</i>	0.67±0.91	0.20±0.12	0.19
THL	<i>Oscillibacter</i>	0.20±0.23	0.02±0.02	0.59
THL	<i>Clostridium</i>	0.10±0.08	0.01±0.00	0.08
THL	<i>Acetobacterium</i>	0.08±0.06	0.03±0.05	0.30
THL	<i>Coprococcus</i>	0.04±0.04	0.05±0.08	0.99
PTB	norank	9.15±3.29	7.17±1.93	0.42
PTB	<i>Alistipes</i>	4.40±0.96	4.75±1.03	0.69
PTB	<i>Prevotella</i>	3.98±1.59	7.91±2.26	0.07
PTB	<i>Bacteroides</i>	2.69±1.15	3.58±0.27	0.26
PTB	<i>Butyrivibrio</i>	2.49±0.76	1.48±0.68	0.16
PTB	<i>Clostridium</i>	1.95±0.78	0.42±0.18	0.03
PTB	<i>Lachnoclostridium</i>	0.74±0.57	0.23±0.24	0.23

PTB	<i>Butyricimonas</i>	0.55±0.20	0.66±0.96	0.85
PTB	<i>Geothrix</i>	0.31±0.25	0.16±0.17	0.45
PTB	<i>Candidatus Cloacimonas</i>	0.29±0.47	0.19±0.17	0.97
PTB	<i>Coprococcus</i>	0.19±0.14	0.03±0.03	0.09
PTB	<i>Prolixibacter</i>	0.17±0.19	0.28±0.21	0.55
PTB	<i>Roseburia</i>	0.16±0.07	0.13±0.09	0.35
PTB	<i>Odoribacter</i>	0.16±0.27	0.01±0.00	0.61
PTB	<i>Proteiniphilum</i>	0.14±0.14	0.15±0.2	0.98
PTB	<i>Elusimicrobium</i>	0.12±0.21	0.14±0.24	1.00
PTB	<i>Alloprevotella</i>	0.08±0.02	0.39±0.38	0.24
BK	<i>norank</i>	13.85±1.97	15.60±2.88	0.43
BK	<i>Bacteroides</i>	6.83±2.59	4.72±0.69	0.23
BK	<i>Prevotella</i>	4.53±1.74	7.97±3.52	0.20
BK	<i>Clostridium</i>	4.03±0.58	4.33±4.30	0.91
BK	<i>Butyrivibrio</i>	3.22±1.29	2.41±1.06	0.45
BK	<i>Odoribacter</i>	2.31±2.09	1.00±0.59	0.33
BK	<i>Alistipes</i>	2.08±0.44	2.11±1.09	0.96
BK	<i>Blautia</i>	1.68±1.64	0.54±0.22	0.20
BK	<i>Mogibacterium</i>	1.60±0.23	0.80±0.94	0.27
BK	<i>Butyricimonas</i>	0.84±0.61	0.89±0.23	0.91
BK	<i>Pseudobutyrovibrio</i>	0.83±0.40	1.07±1.11	0.74
BK	<i>Caloramator</i>	0.77±0.43	1.69±0.23	0.03
BK	<i>Alloprevotella</i>	0.35±0.04	0.23±0.12	0.17
BK	<i>Eggerthella</i>	0.35±0.30	0.01±0.00	0.35
BK	<i>Alkaliphilus</i>	0.23±0.31	0.22±0.26	0.98
BK	<i>Eubacterium</i>	0.21±0.08	0.18±0.28	0.87
BK	<i>Flavonifractor</i>	0.16±0.28	0.00±0.00	0.51
BK	<i>Roseburia</i>	0.16±0.11	0.25±0.22	0.55
BK	<i>Olsenella</i>	0.15±0.15	0.07±0.09	0.49
BK	<i>Lachnoclostridium</i>	0.11±0.05	0.05±0.06	0.25
BK	<i>Elusimicrobium</i>	0.01±0.02	0.13±0.23	1.00
BK	<i>Proteiniphilum</i>	0.01±0.01	0.48±0.83	1.00
BCACT	<i>Alistipes</i>	2.83±0.53	2.59±1.36	0.79
BCACT	<i>Odoribacter</i>	0.78±0.60	0.74±0.32	0.93
BCACT	<i>norank</i>	0.67±0.18	0.50±0.48	0.61
BCACT	<i>Photobacterium</i>	0.30±0.27	0.13±0.13	0.37
BCACT	<i>Clostridium</i>	0.25±0.06	0.15±0.17	0.37
BCACT	<i>Butyricimonas</i>	0.12±0.08	1.50±1.45	0.07
BCACT	<i>Blautia</i>	0.10±0.06	0.00±0.00	0.04