

Supplementary Table 5 List of contrasted MSP species and Spearman correlations with MD index by time point. Reporting of contrasted MSP between ConD and MedD groups at each timepoint (after 20% occurrence filter) with their enrichment status, pvalues from Wilcoxon rank sum tests (pvalue_w) and after adjustment for multiple comparisons using the Benjamini-Hochberg procedure (qvalue_w), Spearman Rho and pvalues_p calculated with MD index score and the respective status based on Venn diagram results (status VD).

MSP	Phylum	Species annotation	Baseline					Status VD
			Enriched in	pvalue _w	qvalue _w	Rho	pvalues _p	
msp_0713	Firmicutes	<i>Clostridium citroniae</i>	ConD	0,001	0,19	-0,007	0,96	baseline and 4w
msp_0056	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	ConD	0,002	0,19	0,015	0,90	baseline, 4w and 8w
msp_0172	Firmicutes	<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	ConD	0,002	0,19	0,138	0,29	baseline, 4w and 8w
msp_0066	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp. AT4	ConD	0,003	0,19	-0,183	0,15	baseline, 4w and 8w
msp_0009	Firmicutes	<i>Clostridium bolteae</i>	ConD	0,009	0,35	0,015	0,91	baseline
msp_0335	Bacteroidetes	<i>unclassified Alistipes</i>	ConD	0,011	0,39	-0,262	0,04	baseline, 4w and 8w
msp_0263	Actinobacteria	<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	ConD	0,017	0,49	-0,066	0,61	baseline and 8w
msp_1541	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	ConD	0,021	0,49	0,016	0,90	baseline and 4w
msp_0020	Firmicutes	<i>Clostridium clostridioforme</i> 1	ConD	0,022	0,49	-0,174	0,18	baseline and 4w
msp_0014	Firmicutes	<i>Eisenbergiella tayi</i>	ConD	0,028	0,51	0,153	0,24	baseline, 4w and 8w
msp_0318	Bacteroidetes	<i>Alistipes indistinctus</i>	ConD	0,043	0,61	-0,027	0,84	baseline and 4w
msp_0164	Firmicutes	<i>Ruminococcus</i> sp.	MedD	0,003	0,19	0,140	0,28	baseline, 4w and 8w
msp_0979	NA	NA	MedD	0,004	0,19	0,244	0,06	baseline, 4w and 8w
msp_0265	Firmicutes	<i>unclassified Faecalibacterium</i>	MedD	0,004	0,19	-0,004	0,97	baseline, 4w and 8w
msp_0586	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp. CAG:343	MedD	0,004	0,19	0,306	0,02	baseline
msp_0285	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp. CAG:217	MedD	0,022	0,49	0,009	0,95	baseline, 4w and 8w
msp_0133	Firmicutes	<i>Coprococcus</i> sp.	MedD	0,022	0,49	0,149	0,25	baseline and 4w
msp_0820	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	MedD	0,023	0,49	0,277	0,03	baseline, 4w and 8w
msp_0679	Firmicutes	<i>unclassified Firmicutes</i>	MedD	0,024	0,49	0,040	0,76	baseline, 4w and 8w
msp_0906	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp.	MedD	0,025	0,49	0,041	0,75	baseline, 4w and 8w
msp_0189	Firmicutes	<i>Blautia</i> sp. CAG:237	MedD	0,029	0,51	0,166	0,20	baseline, 4w and 8w
msp_0893	Firmicutes	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> 2	MedD	0,032	0,51	0,034	0,79	baseline
msp_0087	Firmicutes	<i>Lactobacillus rogosae</i>	MedD	0,033	0,51	0,264	0,04	baseline

msp_0639	Firmicutes	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> 6	MedD	0,034	0,51	0,096	0,46	baseline, 4w and 8w
msp_1428	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	MedD	0,047	0,61	0,155	0,23	baseline
msp_1643c	Firmicutes	<i>Ruminococcus</i> sp. JC304	MedD	0,048	0,61	0,258	0,04	baseline, 4w and 8w
msp_0153	Firmicutes	<i>Erysipelatoclostridium ramosum</i>	MedD	0,048	0,61	0,146	0,26	baseline

Total Number MSP species at baseline= 1065

4w

MSP	Phylum	Species annotation	Enriched in	pvaluew	qvaluew	Rho	pvaluesp	Status VD
msp_0172	Firmicutes	<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	ConD	0,00016	0,019	-0,44	0,0004	baseline, 4w and 8w
msp_0066	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp. AT4	ConD	0,00481	0,10	-0,35	0,0058	baseline, 4w and 8w
msp_0024	Firmicutes	<i>Hungatella hathewayi</i> 2	ConD	0,00559	0,10	-0,34	0,0066	4w
msp_0249	Firmicutes	<i>unclassified Firmicutes</i>	ConD	0,00665	0,10	-0,23	0,0695	4w
msp_0335	Bacteroidetes	<i>unclassified Alistipes</i>	ConD	0,00681	0,10	-0,38	0,0026	baseline, 4w and 8w
msp_0619	NA	NA	ConD	0,00895	0,12	-0,31	0,0155	4w
msp_0058	Firmicutes	<i>Ruminococcus gnavus</i>	ConD	0,00939	0,12	-0,23	0,0734	4w and 8w
msp_0707	Firmicutes	<i>unclassified Firmicutes</i>	ConD	0,01057	0,12	-0,24	0,0614	4w and 8w
msp_0713	Firmicutes	<i>Clostridium citroniae</i>	ConD	0,01088	0,12	-0,43	0,0005	baseline and 4w
msp_0056	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	ConD	0,01270	0,13	-0,42	0,0008	baseline, 4w and 8w
msp_0052	Firmicutes	<i>Blautia</i> sp. CAG:257	ConD	0,01368	0,13	-0,28	0,0296	4w and 8w
msp_0317	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	ConD	0,01368	0,13	-0,13	0,3082	4w
msp_0331	Firmicutes	<i>Oscillibacter</i> sp.	ConD	0,01379	0,13	-0,33	0,0085	4w
msp_0271	Firmicutes	<i>Eubacterium</i> sp. CAG:180	ConD	0,01420	0,13	-0,28	0,0299	4w
msp_0126	Firmicutes	<i>Ruminococcus torques</i>	ConD	0,01453	0,13	-0,34	0,0063	4w and 8w
msp_0621	Firmicutes	<i>Intestinibacter bartlettii</i>	ConD	0,01563	0,13	-0,14	0,2883	4w
msp_0027	Bacteroidetes	<i>Parabacteroides merdae</i>	ConD	0,01625	0,13	-0,17	0,1937	4w
msp_1090	NA	NA	ConD	0,01640	0,13	-0,25	0,0528	4w
msp_0132	Firmicutes	<i>Coprobacillus cateniformis</i>	ConD	0,01734	0,14	-0,26	0,0425	4w and 8w
msp_0318	Bacteroidetes	<i>Alistipes indistinctus</i>	ConD	0,01862	0,14	-0,23	0,0765	baseline and 4w
msp_0014	Firmicutes	<i>Eisenbergiella tayi</i>	ConD	0,01883	0,14	-0,32	0,0115	baseline, 4w and 8w
msp_0510	Firmicutes	<i>Clostridium glycyrrhizinilyticum</i>	ConD	0,02199	0,16	-0,35	0,0056	4w
msp_1315	Firmicutes	<i>unclassified Firmicutes</i>	ConD	0,02687	0,17	-0,21	0,0981	4w
msp_0364	Firmicutes	<i>Intestinimonas butyriciproducens</i>	ConD	0,02694	0,17	-0,23	0,0675	4w
msp_0442	Firmicutes	<i>unclassified Flavonifractor</i>	ConD	0,02787	0,17	-0,33	0,0089	4w
msp_0861	Firmicutes	<i>unclassified Oscillibacter</i>	ConD	0,03166	0,19	-0,30	0,0164	4w
msp_0230	Bacteroidetes	<i>Alistipes inops</i>	ConD	0,03206	0,19	-0,18	0,1559	4w
msp_1012	Firmicutes	<i>Intestinimonas massiliensis</i>	ConD	0,03310	0,19	-0,32	0,0109	4w
msp_0833	Firmicutes	<i>Streptococcus thermophilus</i>	ConD	0,03320	0,19	-0,30	0,0166	4w

msp_0522	Firmicutes	<i>Anaerotruncus colihominis</i>	ConD	0,03393	0,19	-0,40	0,0012	4w
msp_0103	Firmicutes	<i>Clostridium innocuum</i>	ConD	0,03433	0,19	-0,30	0,0190	4w and 8w
msp_0020	Firmicutes	<i>Clostridium clostridioforme</i> 1	ConD	0,03648	0,20	-0,33	0,0080	baseline and 4w
msp_0353	NA	NA	ConD	0,04238	0,20	-0,31	0,0157	4w
msp_1541	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	ConD	0,04247	0,20	-0,34	0,0074	baseline and 4w
msp_1724	Firmicutes	<i>Phoceea massiliensis</i>	ConD	0,04435	0,21	-0,27	0,0327	4w and 8w
msp_0213	Firmicutes	<i>Flavonifractor plautii</i>	ConD	0,04472	0,21	-0,23	0,0679	4w and 8w
msp_0881	Proteobacteria	<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	MedD	0,00001	0,003	0,55	4,0E-06	4w and 8w
msp_0388	Firmicutes	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> 3 (L2-6)	MedD	0,00010	0,017	0,24	0,0614	4w and 8w
msp_0884	Firmicutes	<i>Veillonella atypica</i>	MedD	0,00023	0,02	0,32	0,0104	4w
msp_1641	Firmicutes	<i>unclassified Lachnospiraceae</i>	MedD	0,00037	0,03	0,35	0,0049	4w and 8w
msp_1643c	Firmicutes	<i>Ruminococcus</i> sp. JC304	MedD	0,00052	0,03	0,28	0,0277	baseline, 4w and 8w
msp_0979	NA	NA	MedD	0,00156	0,08	0,37	0,0030	baseline, 4w and 8w
msp_0906	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp.	MedD	0,00188	0,08	0,40	0,0013	baseline, 4w and 8w
msp_0285	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp. CAG:217	MedD	0,00207	0,08	0,10	0,4188	baseline, 4w and 8w
msp_0164	Firmicutes	<i>Ruminococcus</i> sp.	MedD	0,00238	0,08	0,34	0,0077	baseline, 4w and 8w
msp_0313	Firmicutes	<i>Veillonella parvula</i>	MedD	0,00264	0,08	0,35	0,0060	4w and 8w
msp_0930	Firmicutes	<i>unclassified Lachnospiraceae</i>	MedD	0,00294	0,08	0,34	0,0066	4w
msp_1219	Firmicutes	<i>Veillonella rogosae</i>	MedD	0,00302	0,08	0,32	0,0115	4w and 8w
msp_0189	Firmicutes	<i>Blautia</i> sp. CAG:237	MedD	0,00366	0,09	0,29	0,0245	baseline, 4w and 8w
msp_0265	Firmicutes	<i>unclassified Faecalibacterium</i>	MedD	0,00373	0,09	0,20	0,1173	baseline, 4w and 8w
msp_0148c	Firmicutes	<i>Veillonella dispar</i>	MedD	0,00581	0,10	0,31	0,0128	4w
msp_0457	Firmicutes	<i>Faecalibacterium</i> sp. CAG:82	MedD	0,00581	0,10	0,30	0,0193	4w and 8w
msp_0296	Firmicutes	<i>unclassified Lachnospiraceae</i>	MedD	0,00665	0,10	0,32	0,0112	4w and 8w
msp_0898	Firmicutes	<i>unclassified butyrate-producing Clostridiales</i>	MedD	0,00670	0,10	0,27	0,0315	4w
msp_0468	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	MedD	0,00788	0,11	0,18	0,1566	4w
msp_0029	Firmicutes	<i>Eubacterium eligens</i>	MedD	0,00928	0,12	0,27	0,0317	4w and 8w
msp_0639	Firmicutes	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> 6	MedD	0,00944	0,12	0,39	0,0015	baseline, 4w and 8w
msp_1236	Firmicutes	<i>unclassified Lachnoclostridium</i>	MedD	0,01079	0,12	0,37	0,0027	4w
msp_0301	Firmicutes	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> 1 (A2-165)	MedD	0,01144	0,12	0,38	0,0022	4w
msp_0075	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp.	MedD	0,01145	0,12	0,28	0,0300	4w and 8w
msp_0820	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	MedD	0,01424	0,13	0,37	0,0031	baseline, 4w and 8w

msp_0473c	Firmicutes	<i>Clostridium sp.</i>	MedD	0,02327	0,17	0,16	0,2225	4w and 8w
msp_0297	Firmicutes	<i>unclassified Ruminococcaceae</i>	MedD	0,02327	0,17	-0,31	0,0136	4w
msp_0679	Firmicutes	<i>unclassified Firmicutes</i>	MedD	0,02439	0,17	0,25	0,0525	baseline, 4w and 8w
msp_0572	Firmicutes	<i>Lachnospira sp.</i>	MedD	0,02460	0,17	0,33	0,0091	4w
msp_0015	Firmicutes	<i>Roseburia faecis</i>	MedD	0,02557	0,17	0,22	0,0888	4w
msp_0068	Firmicutes	<i>Eubacterium rectale</i>	MedD	0,02557	0,17	0,24	0,0658	4w
msp_0017	Firmicutes	<i>Roseburia intestinalis</i>	MedD	0,02610	0,17	0,31	0,0150	4w and 8w
msp_0563	Firmicutes	<i>unclassified Clostridium</i>	MedD	0,03159	0,19	0,34	0,0077	4w
msp_0125	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	MedD	0,03709	0,20	0,27	0,0373	4w
msp_1302	Firmicutes	<i>unclassified Firmicutes</i>	MedD	0,03912	0,20	0,24	0,0562	4w
msp_0986	Firmicutes	<i>Coprococcus catus</i>	MedD	0,03927	0,20	0,31	0,0137	4w
msp_0086	Firmicutes	<i>Clostridium symbiosum</i>	MedD	0,03984	0,20	-0,41	0,0009	4w
msp_1143	Firmicutes	<i>unclassified Oscillibacter</i>	MedD	0,04124	0,20	0,23	0,0680	4w
msp_1339	Actinobacteria	<i>Gordonibacter urolithinfaciens</i>	MedD	0,04209	0,20	0,16	0,2228	4w
msp_0227	Firmicutes	<i>Eubacterium sp. 36_13 & CAG:86</i>	MedD	0,04285	0,20	0,37	0,0029	4w
msp_0133	Firmicutes	<i>Coprococcus sp.</i>	MedD	0,04861	0,22	0,28	0,0276	baseline and 4w

Total Number MSP species at 4w = 1051

8w								
MSP	Phylum	Species annotation	Enriched in	pvaluew	qvaluew	Rho	pvaluesp	Status VD
msp_0172	Firmicutes	<i>Ruthenibacterium lactatiformans</i>	ConD	0,002	0,12	-0,27	0,033	baseline, 4w and 8w
msp_0126	Firmicutes	<i>Ruminococcus torques</i>	ConD	0,002	0,12	-0,33	0,009	4w and 8w
msp_0213	Firmicutes	<i>Flavonifractor plautii</i>	ConD	0,006	0,14	-0,28	0,026	4w and 8w
msp_0058	Firmicutes	<i>Ruminococcus gnavus</i>	ConD	0,007	0,14	-0,21	0,094	4w and 8w
msp_0132	Firmicutes	<i>Coprobacillus cateniformis</i>	ConD	0,007	0,14	-0,22	0,082	4w and 8w
msp_0335	Bacteroidetes	<i>unclassified Alistipes</i>	ConD	0,007	0,14	-0,37	0,003	baseline, 4w and 8w
msp_0340	Firmicutes	<i>Clostridium leptum</i>	ConD	0,011	0,17	-0,20	0,110	8w
msp_0263	Actinobacteria	<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	ConD	0,012	0,17	-0,28	0,029	baseline and 8w
msp_0014	Firmicutes	<i>Eisenbergiella tayi</i>	ConD	0,012	0,17	-0,27	0,034	baseline, 4w and 8w
msp_0112	Firmicutes	<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	ConD	0,014	0,18	-0,27	0,037	8w
msp_0052	Firmicutes	<i>Blautia</i> sp. CAG:257	ConD	0,016	0,19	-0,34	0,007	4w and 8w
msp_0066	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp. AT4	ConD	0,025	0,27	-0,28	0,027	baseline, 4w and 8w
msp_1724	Firmicutes	<i>Phocea massiliensis</i>	ConD	0,027	0,27	-0,33	0,009	4w and 8w
msp_0005	Proteobacteria	<i>Escherichia coli</i>	ConD	0,028	0,27	-0,24	0,058	8w
msp_0259	Firmicutes	<i>Coprococcus comes</i>	ConD	0,028	0,27	-0,20	0,111	8w
msp_0056	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	ConD	0,035	0,32	-0,23	0,070	baseline, 4w and 8w
msp_0103	Firmicutes	<i>Clostridium innocuum</i>	ConD	0,036	0,32	-0,22	0,090	4w and 8w
msp_0707	Firmicutes	<i>unclassified Firmicutes</i>	ConD	0,040	0,34	-0,02	0,879	4w and 8w
msp_1244	Actinobacteria	<i>Collinsella aerofaciens</i>	ConD	0,040	0,34	-0,19	0,138	8w
msp_0881	Proteobacteria	<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	MedD	0,000	0,05	0,40	0,001	4w and 8w
msp_0906	Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp.	MedD	0,000	0,07	0,36	0,004	baseline, 4w and 8w
msp_0457	Firmicutes	<i>Faecalibacterium</i> sp. CAG:82	MedD	0,002	0,12	0,33	0,008	4w and 8w
msp_0820	Firmicutes	<i>unclassified Clostridiales</i>	MedD	0,003	0,12	0,25	0,049	baseline, 4w and 8w
msp_0388	Firmicutes	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> 3 (L2-6)	MedD	0,003	0,12	0,24	0,056	4w and 8w
msp_1643c	Firmicutes	<i>Ruminococcus</i> sp. JC304	MedD	0,003	0,12	0,30	0,017	baseline, 4w and 8w
msp_0979	NA	NA	MedD	0,003	0,13	0,38	0,002	baseline, 4w and 8w
msp_0164	Firmicutes	<i>Ruminococcus</i> sp.	MedD	0,004	0,13	0,23	0,074	baseline, 4w and 8w
msp_0265	Firmicutes	<i>unclassified Faecalibacterium</i>	MedD	0,005	0,13	0,17	0,176	baseline, 4w and 8w
msp_0029	Firmicutes	<i>Eubacterium eligens</i>	MedD	0,005	0,13	0,37	0,003	4w and 8w

msp_0075	Firmicutes	<i>Clostridium sp.</i>	MedD	0,006	0,14	0,27	0,031	4w and 8w
msp_0473c	Firmicutes	<i>Clostridium sp.</i>	MedD	0,007	0,14	0,27	0,034	4w and 8w
msp_1641	Firmicutes	<i>unclassified Lachnospiraceae</i>	MedD	0,008	0,15	0,38	0,002	4w and 8w
msp_0285	Firmicutes	<i>Clostridium sp. CAG:217</i>	MedD	0,011	0,17	0,05	0,717	baseline, 4w and 8w
msp_0296	Firmicutes	<i>unclassified Lachnospiraceae</i>	MedD	0,012	0,17	0,26	0,040	4w and 8w
msp_1219	Firmicutes	<i>Veillonella rogosae</i>	MedD	0,012	0,17	0,20	0,121	4w and 8w
msp_0071	Firmicutes	<i>Roseburia hominis</i>	MedD	0,012	0,17	0,18	0,173	8w
msp_0017	Firmicutes	<i>Roseburia intestinalis</i>	MedD	0,014	0,18	0,24	0,065	4w and 8w
msp_0679	Firmicutes	<i>unclassified Firmicutes</i>	MedD	0,016	0,19	0,26	0,041	baseline, 4w and 8w
msp_0639	Firmicutes	<i>Faecalibacterium prausnitzii 6</i>	MedD	0,020	0,22	0,28	0,027	baseline, 4w and 8w
msp_0189	Firmicutes	<i>Blautia sp. CAG:237</i>	MedD	0,025	0,27	0,27	0,036	baseline, 4w and 8w
msp_0313	Firmicutes	<i>Veillonella parvula</i>	MedD	0,031	0,29	0,21	0,099	4w and 8w
msp_0860	Firmicutes	<i>unclassified Intestinibacter</i>	MedD	0,042	0,35	0,25	0,052	8w
msp_0145	Proteobacteria	<i>Parasutterella excrementihominis</i>	MedD	0,044	0,36	0,01	0,927	8w
msp_0780	Firmicutes	<i>unclassified Lachnospiraceae</i>	MedD	0,047	0,38	0,22	0,081	8w

Total Number MSP species at 8w = 1037