

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
<i>Paludicola</i>	0,5	0,7	0,7	0,6	0,4	0,4	0,2	0,4	0,4	0,4			-0,2	-0,2					-0,3		-0,4		-0,2	-0,2
<i>Prevotella</i>	0,4	0,4	0,6	0,8	0,4		0,3	0,4	0,3	0,2			-0,2						-0,3		-0,3		-0,2	-0,2
<i>Anaerocolumna</i>	0,4	0,4	0,6	0,5	0,6				0,3										-0,3		-0,3		-0,2	
<i>Lachnospiraceae</i> AC2044_group	0,4	0,3	0,5	0,3	0,2	0,7	0,4	0,2											-0,3		-0,4		-0,2	
<i>Roseburia</i>	0,3	0,6	0,5	0,6	0,3	0,2	0,2	0,5	0,4	0,5									-0,3		-0,3		-0,3	-0,2
<i>Mutibaculaceae</i>	0,5	0,6	0,8	0,6	0,5	0,2	0,3	0,5	0,3	0,3			-0,2						-0,3		-0,4	-0,2	-0,3	-0,2
<i>[Ruminococcus]_</i> <i>sauvagei_group</i>	0,4	0,7	0,4	0,4	0,3			0,5	0,3	0,7									-0,3		-0,3		-0,2	
UCG-011	0,7	0,7	0,6	0,5	0,4	0,5	0,3	0,4	0,3	0,3									-0,4		-0,5	-0,2	-0,3	-0,3
<i>Lachnospiraceae</i> NK4A136_group	0,4	0,4	0,6	0,4	0,4	0,3	0,5	0,3	0,2		-0,2	-0,2	-0,2	-0,3		-0,2			-0,3		-0,3			-0,2
<i>Phascolarctobacterium</i>	0,5	0,4	0,5	0,5	0,3	0,3	0,3	0,3	0,5	0,3									-0,3	-0,2	-0,4	-0,2	-0,3	-0,3
UCG-005	0,5	0,6	0,5	0,5	0,3	0,3	0,2	0,4	0,4	0,3					0,2				-0,2	-0,2	-0,4	-0,3	-0,3	-0,4
<i>Paenibacillus</i>	0,4										0,4				0,6	0,3					-0,2			
<i>Prevotellaceae</i> UCG-004		-0,3	-0,3			-0,2	-0,2				0,5	0,5	0,6	0,6		0,3	0,5	0,5			-0,2	-0,2		-0,3
p-2534-18B5_ gut_group		-0,2	-0,3	-0,2	-0,3						0,6	0,6	0,6	0,6		0,6	0,7	0,6			-0,3		-0,2	-0,2
<i>Lachnospiraceae</i> FCS020_group	0,4	0,2	0,5	0,3		0,3	0,7	0,2	0,2					-0,2										
<i>Lysinibacillus</i>																				0,5				
<i>Bacteroides</i>		-0,3	-0,2								0,4	0,5	0,4	0,6		0,3	0,4	0,4	0,2	-0,2				
NK4A214_group				-0,2							0,4	0,5	0,3	0,5		0,5	0,4	0,4	0,3					
<i>Monoglobus</i>											0,5	0,5	0,4	0,6		0,4	0,4	0,4		-0,3				
dgA-11_gut_group		-0,3	-0,3	-0,2							0,5	0,4	0,3	0,5	0,2	0,3	0,3	0,4	0,4	-0,2				
<i>Alistipes</i>	-0,3	-0,3	-0,3	-0,3			-0,3	-0,2	-0,2		0,5			0,4					0,4	-0,2	0,5		0,4	
<i>Prevotellaceae</i> UCG-003	-0,2	0,3								0,5				0,3					0,2		0,3			
<i>Gastrophilales</i>	-0,2	-0,3	-0,3				-0,2												0,5	-0,2	0,7	0,2	0,4	0,4
UCG-010	-0,3	-0,3	-0,3	-0,3		-0,2		-0,3	-0,2										0,5	-0,2	0,7	0,3	0,5	0,4
F082	-0,3	-0,4	-0,4	-0,4	-0,2	-0,3	-0,2							0,2					0,5		0,7	0,3	0,5	0,5
WCHB1-41	-0,4	-0,3	-0,3	-0,2				-0,3			-0,2	-0,2	-0,2		-0,2	-0,2			0,2		0,5	0,5	0,3	0,4
<i>Methanocorpusculum</i>	-0,3							-0,3			-0,3	-0,2	-0,3		-0,2		-0,3	-0,2	0,4		0,7		0,5	0,5
<i>Akkermansia</i>	-0,2	-0,2		-0,2				-0,2											0,4	-0,3	0,6	0,3	0,5	0,5
M2PB4- 65_termite_group	-0,3	-0,3	-0,4	-0,3				-0,2											0,4		0,7	0,3	0,5	0,4
<i>Bacteroidales</i> RF16_group	-0,4	-0,3	-0,3	-0,3		-0,2		-0,4					0,2	-0,2					0,4		0,8	0,4	0,6	0,5
<i>Maitella</i>	-0,3	-0,2	-0,3	-0,2				-0,3					-0,2		-0,2		-0,2		0,4		0,9	0,5	0,6	0,6
<i>Clostridia_vadinBB60_</i> group	-0,3	-0,3	-0,3	-0,2				-0,3								-0,2	-0,2		0,5	-0,2	0,8	0,4	0,6	0,5

Figure S7. Pearson correlation of diet and fecal microbial taxa. Correlation coefficients $r \leq 0.5$ with $p \leq 0.05$ in at least one of the cases are presented. Columns correspond to plants from fecal samples: 1 - *Rheum rhubarb*; 2 - *Cladonia amaurocraea* (Florke) Schaer; 3 - *Eriophorum polystachion*; 4 - *Agropyron cristatum*; 5 - *Carex juncella*; 6 - *Artemisia dracunculus*; 7 - *Astragalus adsurgens*; 8 - *Thalictrum petaloideum*; 9 - *Goniolimon speciosum*; 10 - *Poa botryoides*; 11 - *Thermopsis lanceolata*; 12 - *Allium spendens*; 13 - *Potentilla anserina* L.; 14 - *Potentilla bifurca* L.; 15 - *Rheum compactum*; 16 - *Heteropappus biennis*; 17 - *Stipa krylovii*; 18 - *Descurainia sophia*; 19 - *Aster alpinus*; 20 - *Stipa capillata*; 21 - *Potentilla longifolia*; 22 - *Carex duriuscula*; 23 - *Saposhnikovia divaricata*; 24 - *Saussurea salicifolia*; rows correspond to bacterial taxa. Blue and red denote positive and negative association, respectively. The intensity of the colors represents the degree of association between the taxa abundances and plants.