

Phylum	Family	Genus	Placebo				β-Glucan			
			Time "0"		Time "1"		Time "0"		Time "1"	
			Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD
Actinobacteria			1,0	6,8 +/- 11,3	1,0	1,4 +/- 1,9	1,0	4,8 +/- 5,0	1,0	0,9 +/- 0,8
	Actinomycetaceae		0,6	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,4	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0
		Actinomyces	0,6	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,4	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0
	Bifidobacteriaceae		0,9	5,7 +/- 10,6	0,9	1,2 +/- 1,9	0,9	2,6 +/- 2,8	0,9	0,6 +/- 0,8
		Bifidobacterium	0,9	5,7 +/- 10,6	0,9	1,2 +/- 1,9	0,9	2,6 +/- 2,8	0,9	0,6 +/- 0,8
	Coriobacteriaceae		1,0	1,1 +/- 1,0	1,0	0,2 +/- 0,2	1,0	2,2 +/- 3,5	1,0	0,3 +/- 0,2
		Senegalimassilia	0,9	0,4 +/- 0,5	0,9	0,1 +/- 0,1	1,0	1,0 +/- 1,2	0,9	0,1 +/- 0,1
		Adlercreutzia	0,7	0,2 +/- 0,5	0,6	0,0 +/- 0,1	0,7	0,2 +/- 0,2	0,7	0,1 +/- 0,1
		Collinsella	0,7	0,3 +/- 0,6	0,5	0,0 +/- 0,0	0,7	1,0 +/- 2,5	0,5	0,0 +/- 0,1
		Eggerthella	0,5	0,1 +/- 0,3	0,3	0,0 +/- 0,0	0,4	0,0 +/- 0,0	0,3	0,0 +/- 0,0
		Slackia	0,5	0,1 +/- 0,1	0,2	0,0 +/- 0,0	0,5	0,1 +/- 0,2	0,4	0,0 +/- 0,1
Bacteroidetes			1,0	24,7 +/- 9,3	1,0	37,3 +/- 11,1	1,0	31,4 +/- 9,0	1,0	43,6 +/- 12,0
	Porphyromonadaceae		0,1	0,5 +/- 1,7	0,2	0,8 +/- 2,9	0,3	0,0 +/- 0,0	0,1	0,1 +/- 0,3
		NI	0,1	0,5 +/- 1,7	0,2	0,8 +/- 2,9	0,3	0,0 +/- 0,0	0,1	0,1 +/- 0,3
	[Barnesiellaceae]		0,9	0,5 +/- 0,6	0,9	1,2 +/- 1,3	0,7	0,4 +/- 0,6	0,8	1,0 +/- 1,3
		Barnesiella	0,9	0,5 +/- 0,6	0,9	1,2 +/- 1,3	0,7	0,4 +/- 0,6	0,8	1,0 +/- 1,3
	[Odoribacteraceae]		0,9	0,2 +/- 0,2	0,9	0,4 +/- 0,4	0,9	0,2 +/- 0,2	1,0	0,4 +/- 0,8
		Butyrivibrio	0,8	0,1 +/- 0,1	0,7	0,2 +/- 0,3	0,7	0,1 +/- 0,1	0,7	0,1 +/- 0,1
		Odoribacter	0,9	0,1 +/- 0,1	0,9	0,2 +/- 0,2	0,9	0,1 +/- 0,1	1,0	0,3 +/- 0,7
	[Paraprevotellaceae]		0,7	0,3 +/- 0,4	0,5	0,8 +/- 2,1	0,7	0,5 +/- 0,7	0,7	0,7 +/- 1,2
		NI	0,3	0,1 +/- 0,2	0,3	0,1 +/- 0,2	0,1	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,1
		[Prevotella]	0,3	0,1 +/- 0,3	0,1	0,5 +/- 2,1	0,3	0,3 +/- 0,7	0,3	0,4 +/- 1,2
		CF231	0,0	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0
		Paraprevotella	0,3	0,1 +/- 0,3	0,3	0,2 +/- 0,4	0,5	0,2 +/- 0,3	0,6	0,3 +/- 0,4
	Bacteroidaceae		1,0	17,5 +/- 11,1	1,0	26,7 +/- 11,1	1,0	17,3 +/- 12,0	1,0	22,6 +/- 14,0
		Bacteroides	1,0	17,5 +/- 11,1	1,0	26,7 +/- 11,1	1,0	17,3 +/- 12,0	1,0	22,6 +/- 14,0
	Porphyromonadaceae		1,0	0,8 +/- 0,5	1,0	1,5 +/- 0,9	1,0	0,7 +/- 0,6	1,0	1,0 +/- 0,6
		Parabacteroides	1,0	0,8 +/- 0,5	1,0	1,5 +/- 0,9	1,0	0,7 +/- 0,6	1,0	1,0 +/- 0,6
	Prevotellaceae		0,6	4,2 +/- 7,4	0,7	4,9 +/- 9,6	0,7	10,3 +/- 14,4	0,7	15,2 +/- 21,7
		Prevotella	0,6	4,2 +/- 7,4	0,7	4,9 +/- 9,6	0,7	10,3 +/- 14,4	0,7	15,2 +/- 21,7
	Rikenellaceae		0,9	0,5 +/- 1,2	1,0	0,7 +/- 1,1	0,9	0,4 +/- 0,4	1,0	1,0 +/- 1,3
		Alistipes	0,9	0,5 +/- 1,2	1,0	0,7 +/- 1,1	0,9	0,4 +/- 0,4	1,0	1,0 +/- 1,3
	S24-7		0,3	0,3 +/- 1,1	0,3	0,2 +/- 0,8	0,5	1,6 +/- 5,1	0,5	1,6 +/- 3,4
		NI	0,3	0,3 +/- 1,1	0,3	0,2 +/- 0,8	0,5	1,6 +/- 5,1	0,5	1,6 +/- 3,4
Cyanobacteria			0,3	0,1 +/- 0,2	0,6	0,4 +/- 0,8	0,4	0,1 +/- 0,3	0,5	0,2 +/- 0,6
	NI		0,3	0,1 +/- 0,2	0,5	0,3 +/- 0,8	0,4	0,1 +/- 0,3	0,4	0,2 +/- 0,6
		NI	0,3	0,1 +/- 0,2	0,5	0,3 +/- 0,8	0,4	0,1 +/- 0,3	0,4	0,2 +/- 0,6
	Chloroplast		0,0	0,0 +/- 0,0	0,3	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0
		Streptophyta	0,0	0,0 +/- 0,0	0,3	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0

Table S4: Prevalence and relative abundances of the bacterial taxa (Phylum, Family and Genus) present in the fecal microbiota of the subjects at baseline (T0) and at the end of the treatment administration (T1) in the Placebo and β-glucan groups. Only are shown the taxa with a relative abundance ≥ 0.1%.

Phylum / C / Family / Genus	Placebo				β-Glucan			
	Time "0"		Time "1"		Time "0"		Time "1"	
	Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD
Euryarchaeota	0.4	0.6 +/- 1.0	0.4	0.0 +/- 0.1	0.3	0.1 +/- 0.3	0.1	0.0 +/- 0.0
Methanobacteriaceae	0.4	0.6 +/- 1.0	0.4	0.0 +/- 0.1	0.3	0.1 +/- 0.3	0.1	0.0 +/- 0.0
Methanobrevibacter	0.4	0.6 +/- 1.0	0.4	0.0 +/- 0.1	0.3	0.1 +/- 0.3	0.1	0.0 +/- 0.0
Firmicutes	1.0	65.3 +/- 11.6	1.0	56.6 +/- 11.7	1.0	59.2 +/- 11.5	1.0	50.2 +/- 15.2
Lactobacillales	0.2	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0
Lactobacillus	0.2	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0
Enterococcaceae	0.2	0.0 +/- 0.1	0.1	0.0 +/- 0.0	0.2	0.0 +/- 0.0	0.2	0.0 +/- 0.0
Enterococcus	0.1	0.0 +/- 0.1	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.2	0.0 +/- 0.0
Lactobacillaceae	0.2	0.0 +/- 0.1	0.1	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0
Lactobacillus	0.2	0.0 +/- 0.1	0.1	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0
Leuconostocaceae	0.1	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.2
Weissella	0.1	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.2
Streptococcaceae	1.0	0.4 +/- 0.6	0.8	0.1 +/- 0.1	0.8	0.4 +/- 0.8	0.8	0.1 +/- 0.2
Lactococcus	0.2	0.1 +/- 0.3	0.2	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.1	0.1	0.0 +/- 0.0
Streptococcus	1.0	0.3 +/- 0.4	0.7	0.1 +/- 0.1	0.8	0.3 +/- 0.7	0.8	0.1 +/- 0.2
Turicibacteraceae	0.4	0.0 +/- 0.1	0.3	0.0 +/- 0.1	0.2	0.0 +/- 0.0	0.2	0.0 +/- 0.1
Turicibacter	0.4	0.0 +/- 0.1	0.3	0.0 +/- 0.1	0.2	0.0 +/- 0.0	0.2	0.0 +/- 0.1
Unclassified Clostridiales	1.0	4.5 +/- 3.3	1.0	4.2 +/- 3.3	1.0	3.2 +/- 1.8	1.0	3.9 +/- 2.7
Unclassified Clostridiales	1.0	4.5 +/- 3.3	1.0	4.2 +/- 3.3	1.0	3.2 +/- 1.8	1.0	3.9 +/- 2.7
Clostridiales_Incertae Sedis XIII	0.9	0.2 +/- 0.2	0.7	0.1 +/- 0.1	0.9	0.1 +/- 0.1	0.9	0.1 +/- 0.1
Anaerovorax	0.9	0.2 +/- 0.2	0.7	0.1 +/- 0.1	0.9	0.1 +/- 0.1	0.9	0.1 +/- 0.1
Christensenellaceae	0.8	0.3 +/- 0.6	0.7	0.2 +/- 0.6	0.8	0.2 +/- 0.2	1.0	0.3 +/- 0.5
NI	0.8	0.3 +/- 0.6	0.7	0.2 +/- 0.6	0.8	0.2 +/- 0.2	1.0	0.3 +/- 0.5
Christensenella	0.2	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.2	0.0 +/- 0.0
Clostridiaceae	1.0	1.4 +/- 1.0	1.0	0.8 +/- 1.0	1.0	1.2 +/- 0.9	1.0	0.7 +/- 0.5
NI	1.0	0.3 +/- 0.4	1.0	0.3 +/- 0.3	1.0	0.4 +/- 0.3	0.9	0.3 +/- 0.2
Clostridium	1.0	0.4 +/- 0.6	1.0	0.2 +/- 0.2	1.0	0.2 +/- 0.2	0.9	0.2 +/- 0.2
SMB53	0.5	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0
Dehalobacteriaceae	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.4	0.0 +/- 0.0
Dehalobacterium	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.4	0.0 +/- 0.0
Lachnospiraceae	1.0	24.3 +/- 6.2	1.0	19.0 +/- 8.0	1.0	24.0 +/- 7.3	1.0	18.7 +/- 10.0
Lachnospiraceae_incertae_sedis	1.0	10.1 +/- 3.9	1.0	9.2 +/- 3.7	1.0	10.8 +/- 4.2	1.0	8.5 +/- 4.8
Aerostipes	0.9	0.2 +/- 0.2	0.9	0.1 +/- 0.1	0.9	0.4 +/- 0.8	0.9	0.2 +/- 0.2
Blautia	1.0	5.3 +/- 2.4	1.0	2.7 +/- 3.0	1.0	4.0 +/- 2.7	1.0	2.4 +/- 2.1
Coprococcus	1.0	3.1 +/- 1.5	1.0	3.0 +/- 2.3	1.0	3.1 +/- 0.9	1.0	3.4 +/- 3.5
Dorea	1.0	0.9 +/- 0.4	1.0	0.7 +/- 0.5	1.0	1.0 +/- 0.7	1.0	0.6 +/- 0.5
Lachnobacterium	0.0	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0
Lachnospira	1.0	1.2 +/- 1.4	1.0	1.0 +/- 0.6	1.0	1.2 +/- 0.8	1.0	0.7 +/- 0.5
Roseburia	1.0	0.5 +/- 0.5	1.0	0.7 +/- 0.7	1.0	0.6 +/- 0.7	1.0	0.5 +/- 0.5
Peptococcaceae	0.3	0.0 +/- 0.1	0.1	0.1 +/- 0.2	0.3	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0
NI	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0
Peptococcus	0.2	0.0 +/- 0.1	0.1	0.1 +/- 0.2	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0
Peptostreptococcaceae	0.7	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0	0.7	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0
NI	0.7	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0	0.7	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0
Ruminococcaceae	1.0	30.0 +/- 7.2	1.0	27.5 +/- 7.3	1.0	27.1 +/- 7.0	1.0	23.8 +/- 8.1
Faecalibacterium	1.0	13.3 +/- 4.0	1.0	12.1 +/- 4.5	1.0	11.8 +/- 4.4	1.0	10.0 +/- 4.3
Aerotruncus	0.4	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0
Oscillospira	1.0	0.8 +/- 0.6	1.0	0.9 +/- 0.4	1.0	0.8 +/- 0.6	1.0	1.0 +/- 0.6
Ruminococcus	1.0	1.6 +/- 1.3	1.0	1.4 +/- 1.2	1.0	1.8 +/- 1.1	1.0	1.5 +/- 0.8
Veillonellaceae	1.0	1.7 +/- 1.7	1.0	1.9 +/- 2.4	1.0	1.6 +/- 1.8	1.0	1.4 +/- 0.7
Acidaminococcus	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.1 +/- 0.3	0.1	0.1 +/- 0.3	0.1	0.0 +/- 0.1
Dialister	0.7	0.9 +/- 1.0	0.7	0.9 +/- 0.8	0.7	0.8 +/- 1.0	0.8	0.9 +/- 0.8
Megamos	0.3	0.2 +/- 0.9	0.1	0.6 +/- 2.3	0.3	0.4 +/- 1.7	0.2	0.2 +/- 0.6
Megasphaera	0.1	0.4 +/- 1.5	0.1	0.0 +/- 0.1	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0
Mitsuokella	0.0	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.1	0.1	0.0 +/- 0.0
Phascolarctobacterium	0.5	0.1 +/- 0.1	0.6	0.2 +/- 0.3	0.6	0.2 +/- 0.5	0.4	0.3 +/- 0.4
Succiniclasticum	0.1	0.0 +/- 0.2	0.0	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0
Veillonella	0.5	0.0 +/- 0.1	0.5	0.1 +/- 0.3	0.3	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0
Erysipelotrichaceae	1.0	1.6 +/- 3.6	1.0	1.9 +/- 3.6	1.0	0.8 +/- 0.9	0.9	0.6 +/- 0.6
Asteroleplasma	0.9	1.2 +/- 3.5	0.9	1.8 +/- 3.6	0.8	0.4 +/- 0.5	0.8	0.4 +/- 0.4
[Eubacterium]	0.5	0.3 +/- 0.6	0.5	0.1 +/- 0.1	0.6	0.2 +/- 0.5	0.5	0.2 +/- 0.4
Bulleidia	0.1	0.0 +/- 0.1	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0
Catenibacterium	0.1	0.1 +/- 0.2	0.1	0.0 +/- 0.2	0.1	0.2 +/- 0.8	0.3	0.1 +/- 0.2
cc_115	0.1	0.0 +/- 0.0	0.0	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0	0.1	0.0 +/- 0.0
Holdemanella	0.3	0.0 +/- 0.0	0.5	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0
Lentisphaerae	0.3	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.3	0.5 +/- 1.8	0.2	0.5 +/- 2.1
Victivallaceae	0.3	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.3	0.5 +/- 1.8	0.2	0.5 +/- 2.1
Victivallis	0.3	0.0 +/- 0.0	0.3	0.0 +/- 0.0	0.3	0.5 +/- 1.8	0.2	0.5 +/- 2.1

Table S4 (.../...)

Phylum / C / Family / Genus	Placebo				β-Glucan			
	Time "0"		Time "1"		Time "0"		Time "1"	
	Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD	Prevalence	Mean +/- SD
Proteobacteria	1,0	0,6 +/- 0,5	1,0	2,4 +/- 3,7	1,0	3,4 +/- 9,3	1,0	3,4 +/- 8,2
Alcaligeaceae	0,7	0,3 +/- 0,3	0,9	0,7 +/- 1,0	0,9	0,4 +/- 0,4	1,0	0,5 +/- 0,5
Sutterella	0,7	0,3 +/- 0,3	0,9	0,7 +/- 1,0	0,9	0,4 +/- 0,4	1,0	0,5 +/- 0,5
Oxalobacteraceae	0,1	0,0 +/- 0,0	0,3	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0
Oxalobacter	0,1	0,0 +/- 0,0	0,3	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0
Desulfovibrionaceae	0,8	0,2 +/- 0,3	0,7	0,2 +/- 0,4	0,8	0,2 +/- 0,3	0,8	0,2 +/- 0,3
NI	0,3	0,0 +/- 0,0	0,2	0,0 +/- 0,0	0,2	0,0 +/- 0,0	0,2	0,0 +/- 0,0
Bilophila	0,7	0,1 +/- 0,1	0,7	0,0 +/- 0,1	0,7	0,1 +/- 0,1	0,6	0,1 +/- 0,1
Desulfovibrio	0,3	0,1 +/- 0,2	0,3	0,2 +/- 0,4	0,5	0,1 +/- 0,3	0,4	0,1 +/- 0,3
Succinivibrionaceae	0,0	0,0 +/- 0,0	0,1	0,1 +/- 0,2	0,3	2,4 +/- 9,4	0,1	2,1 +/- 8,0
Succinivibrio	0,0	0,0 +/- 0,0	0,1	0,1 +/- 0,2	0,3	2,4 +/- 9,4	0,1	2,1 +/- 8,0
Enterobacteriaceae	0,7	0,1 +/- 0,1	0,8	0,1 +/- 0,2	0,8	0,2 +/- 0,4	0,8	0,4 +/- 0,9
genus Escherichia/Shigella	0,7	0,1 +/- 0,1	0,8	0,1 +/- 0,2	0,8	0,2 +/- 0,4	0,8	0,4 +/- 0,9
Klebsiella	0,0	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0
Pasteurellaceae	0,4	0,0 +/- 0,1	0,6	0,7 +/- 2,6	0,3	0,0 +/- 0,0	0,5	0,0 +/- 0,1
Haemophilus	0,4	0,0 +/- 0,1	0,6	0,7 +/- 2,6	0,3	0,0 +/- 0,0	0,5	0,0 +/- 0,1
Synergistetes	0,1	0,0 +/- 0,0	0,2	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0
Synergistaceae	0,1	0,0 +/- 0,0	0,2	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0
Tenericutes	0,4	0,1 +/- 0,3	0,4	0,1 +/- 0,3	0,2	0,0 +/- 0,0	0,5	0,0 +/- 0,1
assimiled to mollicutes order	0,3	0,1 +/- 0,1	0,3	0,0 +/- 0,1	0,1	0,0 +/- 0,0	0,3	0,0 +/- 0,1
assimiled to RF3 order	0,3	0,1 +/- 0,2	0,3	0,1 +/- 0,2	0,1	0,0 +/- 0,0	0,2	0,0 +/- 0,0
Verrucomicrobia	0,7	1,7 +/- 3,4	0,7	1,5 +/- 1,8	0,7	0,3 +/- 0,4	0,7	1,0 +/- 1,8
[Cerasicoccaceae]	0,2	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0
NI	0,2	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,1	0,0 +/- 0,0	0,0	0,0 +/- 0,0
Verrucomicrobiaceae	0,7	1,7 +/- 3,4	0,7	1,5 +/- 1,8	0,7	0,3 +/- 0,4	0,7	1,0 +/- 1,8
Akkermansia	0,7	1,7 +/- 3,4	0,7	1,5 +/- 1,8	0,7	0,3 +/- 0,4	0,7	1,0 +/- 1,8

Table S4 (.../...)

