**A – Random forest**

Peptostreptococcus (OTU 367)
Porphyromonas (OTU 110)
Coprobacillus (OTU 477)
Parvimonas (OTU 361)
Roseburia (OTU 822)
Clostridium (OTU 58)
Bacteroides (OTU 309)
Fusobacterium (OTU 327)
Enterorhabdus (OTU 122)
Blautia (OTU 12)
Bacteria (OTU 255)
Clostridiales (OTU 565)
Anaerostipes (OTU 10)
Clostridiales (OTU 335)
Bacteroides (OTU 2)
Bacteroides (OTU 155)
Coprococcus (OTU 121)
Clostridium_sensu (OTU 172)
Ruminococcus (OTU 123)
Ruminococcus (OTU 54)

- SRN
- Normal

0    0.1    1    10    100

**B – L2 regularized logistic regression**

Lachnospiraceae (OTU 1239)
Blautia (OTU 659)
Lachnospiraceae (OTU 742)
Blautia (OTU 12)
Faecalibacterium (OTU 15)
Roseburia (OTU 768)
Ruminococcus (OTU 8)
Roseburia (OTU 822)
Lachnospiraceae (OTU 50)
Flavonifractor (OTU 629)
Gemella (OTU 426)
Lachnospiraceae (OTU 56)
Bifidobacteriaceae (OTU 2095)
Akkermansia (OTU 1123)
Clostridium (OTU 609)
Ruminococcus (OTU 92)
Lachnospiraceae (OTU 13)
Ruminococcaceae (OTU 1212)
Akkermansia (OTU 4)
Howardella (OTU 299)

- SRN
- Normal

0    0.1    1    10    100

Relative Abundance (%)