

Table s1. Individual finishing bulls for unique OTUs, richness estimates, and diversity indices within the rumen.

SampleID	SeqsNum	OTUsNum	EvenSeqsNum	EvenOTUsNum	ACE	simpson	shannon	PD_whole_tree	chao1	observed_species	goods_coverage
CONT1	49092	10291	12000	4160	12592.09	0.9965	10.3555	414.95	11187.83	4160	97.16
CONT2	37943	9066	12000	4262	13895.34	0.9962	10.3658	432.45	12190.98	4262	94.87
CONT3	31995	7743	12000	4114	12046.21	0.9943	10.1540	420.32	10607.84	4114	93.75
CONT4	19662	6239	12000	4512	12468.61	0.9969	10.6381	450.95	11083.55	4512	90.83
PROP1	13606	4107	12000	3774	9758.77	0.9762	9.4446	392.93	8195.37	3774	90.47
PROP2	13888	5216	12000	4704	15048.01	0.9959	10.5528	457.64	12843.53	4704	86.88
PROP3	15556	5310	12000	4475	12033.90	0.9972	10.6386	457.10	10655.86	4475	91.20
PROP4	12942	4901	12000	4662	12968.54	0.9953	10.6077	479.80	11255.42	4662	88.14

Table s2. Percent abundance of phylum in individual ruminal samples (%).

Taxon	CONT1	CONT2	CONT3	CONT4	PROP1	PROP2	PROP3	PROP4
p__Firmicutes	49.2000	62.9000	59.6500	56.6833	74.1917	60.1500	59.5667	63.0583
p__Bacteroidetes	33.5083	14.9000	27.0917	25.4083	15.2250	24.6000	28.2583	20.3333
p__Tenericutes	8.1917	5.6833	5.2417	7.0417	3.0250	4.6750	2.5833	3.1833
p__TM7	3.8500	5.9917	2.7500	4.4833	1.9833	3.4167	2.8083	1.8750
Unknown	3.0500	3.3417	3.5750	3.8833	3.8083	3.3250	3.5750	4.9667
p__Verrucomicrobia	0.6833	3.4250	0.4250	0.4500	0.1667	0.6250	0.5333	0.5250
p__Proteobacteria	0.5417	1.1167	0.3500	0.6167	0.6333	0.8167	0.4667	1.8583
p__Actinobacteria	0.4250	1.1000	0.4333	0.4750	0.4500	0.6833	1.1417	3.0083
p__SR1	0.1667	0.0417	0.0667	0.0417	0.0750	0.0750	0.0667	0.0833
p__Chloroflexi	0.1333	0.2333	0.1167	0.1583	0.0833	0.2667	0.1417	0.2000
p__Cyanobacteria	0.1083	0.1667	0.0917	0.0750	0.0667	0.0667	0.0250	0.1000
p__[Thermi]	0.0500	0.0500	0.0500	0.1000	0.0667	0.0417	0.0333	0.1000
p__Planctomycetes	0.0250	0.0167	0.0083	0.2417	0.0167	1.0667	0.0250	0.0917
p__Euryarchaeota	0.0167	0.9917	0.1000	0.2750	0.1417	0.0750	0.7333	0.5583
p__Spirochaetes	0.0167	0.0083	0.0250	0.0250	0.0167	0.0417	0.0250	0.0250
p__WPS-2	0.0167	0.0083	0.0083	0.0083	0.0167	0.0083	0.0000	0.0000
p__Elusimicrobia	0.0083	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
p__Fibrobacteres	0.0083	0.0167	0.0167	0.0000	0.0083	0.0083	0.0167	0.0000
p__Lentisphaerae	0.0000	0.0083	0.0000	0.0083	0.0000	0.0333	0.0000	0.0083
p__Synergistetes	0.0000	0.0000	0.0000	0.0250	0.0250	0.0250	0.0000	0.0250

Table s3. Percent abundance of dominant genus in individual ruminal samples (%).

Taxon	CONT1	CONT2	CONT3	CONT4	PROP1	PROP2	PROP3	PROP4
Unknown	78.4667	71.6083	66.9083	74.1000	85.8500	73.6000	80.1750	67.5917
g__Succiniclasticum	7.0583	10.6417	16.0333	11.6750	2.0333	11.5417	3.8917	12.6000
g__Butyrivibrio	3.5500	3.5583	5.3000	3.3583	3.5417	2.5583	4.2167	3.8333
g__Ruminococcus	2.5750	4.1583	4.4667	2.2167	2.5833	2.3083	3.2833	6.0583
g__Prevotella	3.5833	2.0667	2.3167	2.8500	2.1250	3.5417	2.8917	3.4917
g__p-75-a5	0.6167	1.4250	1.0167	0.5417	0.2333	0.7833	0.4917	0.3500
g__Anaerostipes	1.2250	0.0917	0.9917	0.7083	0.4250	0.5333	0.3750	0.1250
g__Coprococcus	0.2500	0.2833	0.3833	0.5167	0.4583	0.4250	0.3333	0.2917
g__Mogibacterium	0.3250	1.4833	0.3583	0.4417	0.1083	0.7667	0.6833	0.6000
g__Anaerovibrio	0.3250	0.5417	0.2417	0.5917	0.1750	0.7583	0.2000	0.3917
g__YRC22	0.2250	0.1250	0.1583	0.1917	0.2667	0.2917	0.2417	0.3500
g__L7A_E11	0.1583	0.3250	0.1583	0.1500	0.1750	0.2000	0.2083	0.1250
g__[Ruminococcus]	0.1083	0.0500	0.1583	0.1000	0.0500	0.1333	0.0750	0.0750
g__SHD-231	0.1333	0.2333	0.1167	0.1583	0.0833	0.2667	0.1417	0.2000
g__Clostridium	0.0750	0.0583	0.1167	0.1500	0.1250	0.1417	0.1250	0.1833
g__CF231	0.1667	0.1500	0.1000	0.1583	0.1167	0.3917	0.2083	0.2667
g__Oscillospira	0.2583	0.0917	0.1000	0.5250	0.1417	0.2167	0.0750	0.1250
g__Bifidobacterium	0.0000	0.6417	0.0917	0.0333	0.1083	0.1333	0.4417	1.1667
g__Methanobrevibacter	0.0167	0.9833	0.0917	0.2667	0.1417	0.0750	0.7333	0.5583
g__Bulleidia	0.0667	0.1667	0.0917	0.0667	0.2667	0.1500	0.1667	0.1333
g__Moryella	0.0417	0.0083	0.0917	0.0250	0.1000	0.0250	0.0583	0.0250
g__Blautia	0.1333	0.1917	0.0750	0.1417	0.2083	0.0750	0.1750	0.0833
g__Selenomonas	0.0167	0.0167	0.0667	0.1250	0.0417	0.1167	0.0500	0.1583
g__Desulfovibrio	0.1083	0.0417	0.0667	0.0833	0.0167	0.0417	0.0333	0.0917
g__Atopobium	0.0083	0.0417	0.0667	0.0583	0.0250	0.0500	0.0833	0.0417
g__Shuttleworthia	0.0250	0.1917	0.0583	0.1167	0.0583	0.0250	0.0667	0.0583
g__Deinococcus	0.0500	0.0500	0.0500	0.1000	0.0667	0.0417	0.0333	0.1000
g__Lactobacillus	0.0417	0.0417	0.0417	0.0500	0.0000	0.0000	0.0083	0.0000
g__Dorea	0.0250	0.1000	0.0333	0.0083	0.0083	0.0167	0.0917	0.0333
g__Bacteroides	0.0167	0.0333	0.0333	0.0167	0.0167	0.0250	0.0167	0.0250
g__BF311	0.0750	0.0167	0.0250	0.0583	0.0250	0.0917	0.0500	0.1000
g__RFN20	0.0167	0.0750	0.0250	0.0500	0.0250	0.1583	0.0667	0.0583
g__Corynebacterium	0.0083	0.0083	0.0250	0.0083	0.0083	0.0083	0.0167	0.0167
g__Dehalobacterium	0.0750	0.1500	0.0167	0.1250	0.0583	0.2083	0.0833	0.0833
g__Sphaerochaeta	0.0083	0.0000	0.0167	0.0167	0.0083	0.0333	0.0000	0.0167
g__Fibrobacter	0.0083	0.0167	0.0167	0.0000	0.0083	0.0083	0.0167	0.0000
g__Dechloromonas	0.0083	0.1000	0.0083	0.0250	0.0000	0.0583	0.0167	0.1417
g__Schwartzia	0.0917	0.0583	0.0083	0.0750	0.0083	0.0583	0.0583	0.0750
g__Adlercreutzia	0.0167	0.0000	0.0083	0.0000	0.0083	0.0000	0.0000	0.0250
g__Desulfohalobium	0.0000	0.0333	0.0083	0.0250	0.0083	0.0000	0.0083	0.0167
g__Pseudomonas	0.0000	0.0000	0.0083	0.0000	0.0000	0.0000	0.0083	0.0083
g__Treponema	0.0083	0.0000	0.0083	0.0083	0.0083	0.0083	0.0083	0.0083
g__PSB-M-3	0.0000	0.0333	0.0083	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
g__Methanosphaera	0.0000	0.0083	0.0083	0.0083	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

---

g__Paludibacter	0.0000	0.0083	0.0083	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
g__Leucobacter	0.0000	0.0000	0.0083	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
g__Ruminobacter	0.0000	0.0000	0.0083	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
g__Rhodoferax	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0083	0.0833
g__Methylobacterium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0500	0.0000	0.0000	0.0500
g__Psychromonas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0333	0.0000	0.0000	0.0333
g__Anaerofustis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0083	0.0167	0.0250	0.0167	0.0250

---

Table s4. Primers used in real-time PCR for the detection of ruminal bacterial species/taxa

Target taxon and specific strain tested	Primer set	Primer sequences
Total bacteria	BacteriaR	CGGCAACGAGCGCAACCC
	BacteriaF	CCATTGTAGCACGTGTGTAGCC
<i>Butyrivibrio fibrisolvens</i> H17c	ButFib2F	ACCGCATAAGCGCACGGA
	ButFib2R	CGGGTCCATCTTGTACCGATAAAT
<i>Eubacterium ruminantium</i> GA195	EubRum2F	CTCCCGAGACTGAGGAAGCTTG
	EubRum2R	GTCCATCTCACACCACCGGA
<i>Fibrobacter succinogenes</i> S85	FibSuc3F	GCGGGTAGCAAACAGGATTAGA
	FibSuc3R	CCCCGGACACCCAGTAT
<i>Megasphaera elsdenii</i> T81	MegEls2F	AGATGGGGACAACAGCTGGA
	MegEls2R	CGAAAGCTCCGAAGAGCCT
<i>Prevotella brevis</i> B <sub>14</sub>	PreBre1F	GGTTTCCTTGAGTGTATTCGACGTC
	PreBre1R	CTTTCGCTTGGCCGCTG
<i>Prevotella bryantii</i> GA33	PreBry2F	AGCGCAGGCCGTTTGG
	PreBry2R	GCTTCCTGTGCACTCAAGTCTGAC
<i>Prevotella ruminicola</i> 23	PreRum1F	GAAAGTCGGATTAATGCTCTATGTT
	PreRum1R	CATCCTATAGCGGTAAACCTTTGG
<i>Ruminobacter amylophilus</i> H18	RmbAmy2F	CTGGGGAGCTGCCTGAATG
	RmbAmy2R	GCATCTGAATGCGACTGGTTG
<i>Ruminococcus albus</i> 7	RumAlb3F	TGTTAACAGAGGGAAGCAAAGCA
	RumAlb3R	TGCAGCCTACAATCCGAACCTAA
<i>Ruminococcus flavefaciens</i> FD-1	RumFla3F	TGGCGGACGGGTGAGTAA
	RumFla3R	TTACCATCCGTTTCCAGAAGCT
<i>Selenomonas ruminantium</i> D	SelRum2F	CAATAAGCATTCCGCCTGGG
	SelRum2R	TTCACTCAATGTCAAGCCCTGG
<i>Streptococcus bovis</i> JB1	StrBov2F	TTCTAGAGATAGGAAGTTTCTTCGG
	StrBov2R	ATGATGGCAACTAACAATAGGGGT
<i>Succinivibrio dextrinosolvens</i> 22b	SucDex1F	CGTCAGCTCGTGTCTGTGAGA
	SucDex1R	CCCGCTGGCAACAAAGG