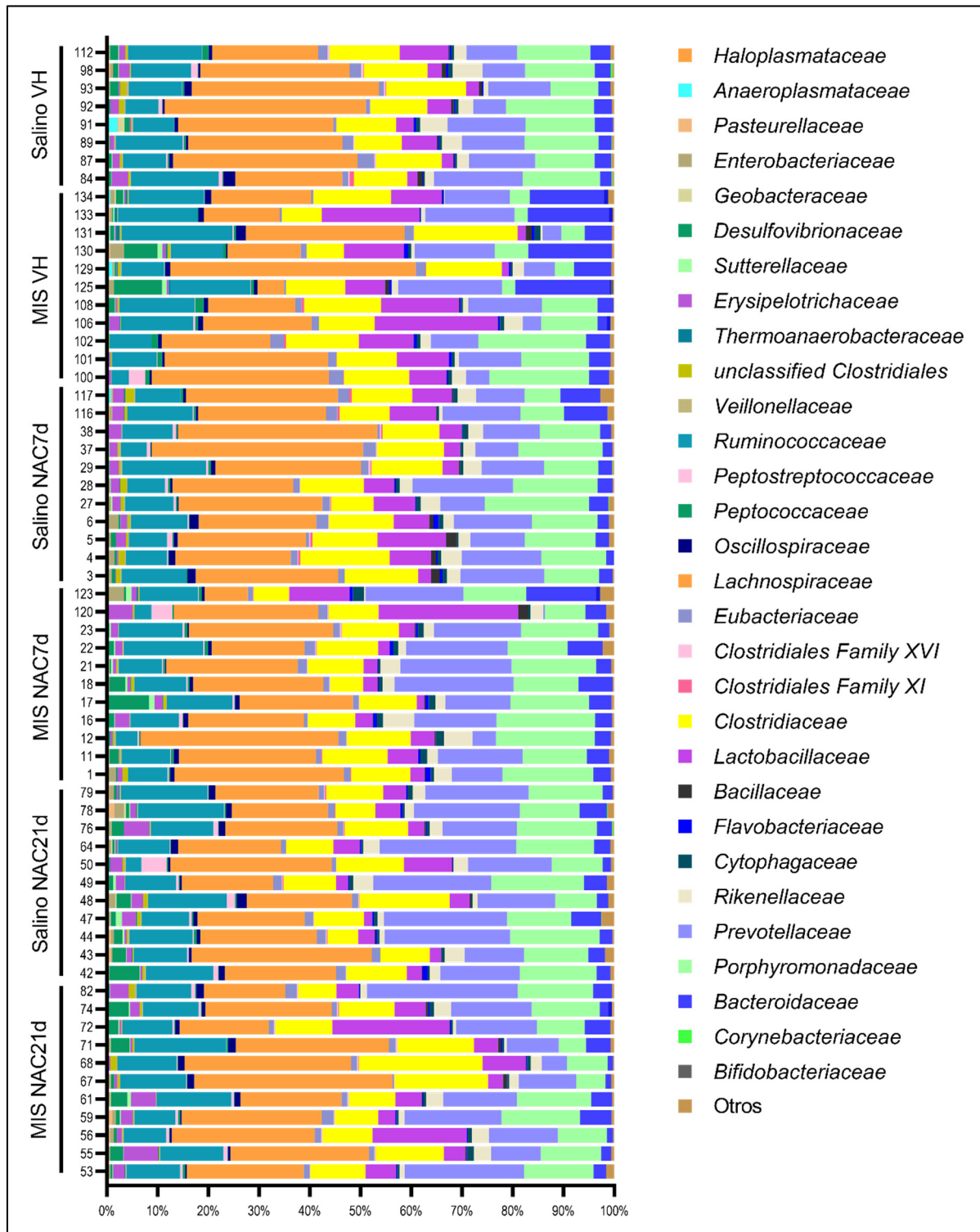


Supplementary Figure S1. Nested bar plot showing gut microbiota composition at the family level in all study groups.
Individual gut microbiota composition data for each animal in each study group at the family level. The compositions at family level was relatively homogeneous between animals in each group.



Supplementary Table S1. Data from phyla populations. Table shows the mean \pm SEM for each group and the p value as result of the Kruskal-Wallis (KW) analysis (*p < 0.05). η^2 : size effect. *Firmicutes* showed an interesting interaction with a reduction of bacterias in saline-offspring treated with NAC21 while the opposite pattern was found in MIS-treated animals. An effect of NAC on *Deferribacteres* was found with an increase of bacteria in both groups treated with NAC for 21 days.

Phylum	Sal VH		MIS VH		Sal NAC7d		MIS NAC7d		Sal NAC21d		MIS NAC21d		KW (p-value)	η^2
	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM		
<i>Actinobacteria</i>	0.112	0.049	0.126	0.055	0.072	0.028	0.099	0.072	0.086	0.034	0.036	0.018	0.744	0.044
<i>O.Bacteroidetes</i>	32.980	1.505	31.640	2.700	33.560	1.287	39.310	2.841	40.030	2.318	32.530	3.106	0.052	0.175
<i>Firmicutes</i>	64.870	1.673	64.880	3.574	64.600	1.307	57.440	3.174	56.110	2.258	64.670	3.153	0.031*	0.198
<i>Proteobacteria</i>	1.623	0.288	2.933	1.273	1.383	0.247	2.664	0.792	3.510	0.515	2.557	0.480	0.057	0.171
<i>Cyanobacteria</i>	0.050	0.003	0.000	0.000	0.002	0.002	0.003	0.003	0.018	0.010	0.007	0.004	0.343	0.064
<i>Deferribacteres</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040	0.030	0.085	0.047	0.033*	0.196
<i>Tenericutes</i>	0.337	0.266	0.378	0.132	0.357	0.228	0.464	0.214	0.133	0.046	0.112	0.094	0.092	0.163
Unclassified Bacteria	0.069	0.055	0.004	0.004	0.006	0.006	0.006	0.006	0.044	0.039	0.000	0.000	0.791	0.016
<i>Verrumicrobia</i>	0.000	0.000	0.027	0.018	0.010	0.008	0.005	0.004	0.010	0.005	0.012	0.009	0.708	0.040

Supplementary Table S2. Data from family populations. Table shows the mean \pm SEM for each group and the p value as result of the Kruskal-Wallis analysis (*p < 0.05). η^2 : size effect.

Family	Sal VH		MIS VH		Sal NAC7d		MIS NAC7d		Sal NAC21d		MIS NAC21d		KW (p value)	η^2
	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM		
<i>Haloplasmataceae</i>	0.07	0.06	0.00	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01	0.04	0.04	<0.001	<0.001	0.79	0.016
<i>Anaeroplasmataceae</i>	0.27	0.27	0.28	0.11	0.13	0.08	0.07	0.02	0.08	0.03	0.01	0.01	0.06	0.147
<i>Pasteurellaceae</i>	0.19	0.07	0.09	0.04	0.18	0.04	0.14	0.03	0.38	0.09	0.29	0.10	0.033**	0.226
<i>Enterobacteriaceae</i>	0.19	0.07	0.51	0.24	0.59	0.19	0.50	0.28	0.64	0.17	0.35	0.06	0.12	0.132
<i>Geobacteraceae</i>	0.19	0.15	0.06	0.03	0.02	0.01	0.04	0.04	0.11	0.04	0.07	0.02	0.36	0.083
<i>Desulfovibrionaceae</i>	0.90	0.20	1.92	0.94	0.29	0.10	1.55	0.71	1.76	0.51	1.68	0.44	<u>0.018*</u>	<u>0.218</u>
<i>Sutterellaceae</i>	0.08	0.03	0.25	0.11	0.05	0.02	0.32	0.12	0.23	0.11	0.14	0.06	0.43	0.090
<i>Veillonellaceae</i>	0.24	0.05	0.08	0.02	0.22	0.03	0.12	0.02	0.16	0.02	0.15	0.03	<u>0.004**</u>	<u>0.304</u>
<i>Erysipelotrichaceae</i>	1.36	0.36	0.43	0.16	1.57	0.23	1.45	0.41	1.63	0.43	2.24	0.64	<u>0.014*</u>	<u>0.216</u>
<i>Thermoanaerobacteraceae</i>	0.01	0.01	0.25	0.07	0.06	0.03	0.06	0.03	0.08	0.03	0.04	0.02	0.08	0.159
Unclassified Clostridiales	0.46	0.14	0.21	0.06	0.70	0.16	0.36	0.10	0.30	0.09	0.39	0.13	0.14	0.120
<i>Ruminococcaceae</i>	11.32	1.28	12.43	1.53	9.98	0.96	9.62	1.09	11.90	1.20	11.69	0.87	0.44	0.089
<i>Peptostreptococcaceae</i>	0.44	0.16	0.38	0.29	0.43	0.10	0.67	0.35	0.94	0.43	0.46	0.07	0.05	0.194
<i>Peptococcaceae</i>	0.33	0.13	0.66	0.15	0.29	0.04	0.37	0.06	0.24	0.04	0.21	0.04	0.07	0.215
<i>Oscillospiraceae</i>	0.90	0.23	0.90	0.14	0.76	0.18	0.57	0.11	1.00	0.15	0.89	0.15	0.41	0.079
<i>Lachnospiraceae</i>	30.66	2.46	23.74	3.61	28.74	1.89	25.44	2.38	23.08	1.65	26.05	2.05	0.12	0.179
<i>Eubacteriaceae</i>	1.64	0.32	1.43	0.26	1.57	0.21	1.34	0.12	1.39	0.11	1.28	0.18	0.86	0.029
Clostridiales Family XVI	0.24	0.05	0.00	0.00	0.16	0.03	0.12	0.03	0.09	0.02	0.23	0.03	<u><0.001***</u>	<u>0.378</u>
Clostridiales Family XI	0.15	0.10	0.12	0.06	0.21	0.06	0.08	0.03	0.10	0.03	0.04	0.02	0.60	0.058
<i>Clostridiaceae</i>	12.25	0.71	12.98	1.11	12.60	0.73	10.49	0.64	10.90	0.93	12.67	1.51	0.27	0.112
<i>Lactobacillaceae</i>	4.26	0.95	10.90	2.06	6.67	0.99	6.26	2.29	3.97	0.65	7.92	2.00	<u>0.029*</u>	<u>0.243</u>
<i>Bacillaceae</i>	0.44	0.13	0.22	0.12	0.57	0.21	0.28	0.18	0.11	0.02	0.24	0.08	0.12	0.127
<i>Flavobacteriaceae</i>	0.32	0.04	0.43	0.06	0.24	0.10	0.45	0.10	0.29	0.09	0.18	0.02	<u>0.026*</u>	<u>0.208</u>
<i>Cytophagaceae</i>	0.51	0.09	0.51	0.11	0.73	0.07	1.09	0.16	0.51	0.08	0.58	0.10	<u>0.014*</u>	<u>0.229</u>
<i>Rikenellaceae</i>	3.22	0.61	1.45	0.33	2.78	0.29	2.92	0.53	2.37	0.32	2.03	0.36	0.06	0.157
<i>Prevotellaceae</i>	11.90	1.27	10.99	1.78	13.07	1.11	14.76	2.19	19.48	1.50	15.31	2.07	<u>0.022*</u>	<u>0.217</u>
<i>Porphyromonadaceae</i>	13.76	0.84	9.11	2.02	12.97	1.17	14.70	1.08	13.83	0.93	11.11	1.10	0.09	0.135
<i>Bacteroidaceae</i>	3.09	0.22	8.99	1.93	3.56	0.72	5.13	1.04	3.30	0.42	3.12	0.53	<u>0.009**</u>	<u>0.251</u>
<i>Corynebacteriaceae</i>	0.10	0.05	0.00	0.00	0.03	0.02	0.00	0.00	0.04	0.03	0.00	0.00	<u>0.006**</u>	<u>0.298</u>
<i>Bifidobacteriaceae</i>	0.00	0.00	0.07	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	<u>0.004**</u>	<u>0.243</u>

Supplementary Table S3. Genus and species proportions. This table shows the percentage (%) of different members of genus and species in each group. η^2 : size effect. Data are shown as mean \pm SEM. In the KW column, results from the Kruskal-Wallis analysis are shown [$*p < 0.05$. $**p < 0.01$. $***p < 0.001$].

Genus/Specie	Sal VH		MIS VH		Sal NAC7d		MIS NAC7d		Sal NAC21d		MIS NAC21d		KW (p value)	η^2
	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM	Mean	SEM		
<i>Bifidobacterium animalis</i>	0.00	0.00	0.05	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.09	0.243
<i>Corynebacterium stationis</i>	0.10	0.05	0.00	0.00	0.03	0.01	0.00	0.00	0.05	0.03	0.00	0.00	0.009**	0.298
Bacteroides (gen.)	0.59	0.18	5.39	1.94	1.35	0.43	2.02	0.71	0.85	0.28	1.25	0.41	0.67	0.042
<i>Bacteroides acidifaciens</i>	0.00	0.00	0.09	0.04	0.03	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.038*	0.280
<i>Bacteroides dorei</i>	0.59	0.18	3.26	1.48	0.97	0.31	1.40	0.40	0.84	0.28	1.13	0.41	0.93	0.027
<i>Bacteroides vulgatus</i>	0.00	0.00	0.26	0.15	0.14	0.07	0.32	0.30	0.00	0.00	0.08	0.04	0.07	0.207
<i>Bacteroides uniformis</i>	0.00	0.00	1.50	0.76	0.08	0.06	0.18	0.13	0.00	0.00	0.03	0.01	0.014*	0.263
<i>Parabacteroides distasonis</i>	0.01	0.01	0.12	0.07	0.06	0.02	0.02	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.026*	0.205
Prevotella (gen.)	2.61	0.63	2.45	0.54	2.66	0.53	3.52	0.84	4.47	0.73	3.03	0.48	0.25	0.115
Alistipes (gen.)	1.14	0.42	0.83	0.23	0.69	0.29	0.63	0.24	1.00	0.25	0.38	0.16	0.19	0.124
Lactobacillus (gen.)	4.00	0.94	10.79	2.05	6.61	1.01	6.10	2.27	3.59	0.64	7.70	2.00	0.017*	0.261
<i>Lactobacillus hominis</i>	0.03	0.03	0.05	0.03	0.19	0.09	0.09	0.03	0.15	0.10	0.04	0.02	0.20	0.112
<i>Lactobacillus intestinalis</i>	0.01	0.01	0.14	0.04	0.56	0.14	0.62	0.25	0.24	0.08	0.27	0.11	0.003**	0.350
<i>Lactobacillus animalis</i>	0.01	0.01	0.14	0.04	0.09	0.04	0.08	0.04	0.01	0.01	0.22	0.09	0.023*	0.207
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	0.81	0.21	1.24	0.36	0.51	0.12	0.42	0.24	0.48	0.09	0.51	0.10	0.07	0.199
<i>Lactobacillus kitasatonis</i>	0.00	0.00	0.13	0.06	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.007**	0.174
<i>Lactobacillus murinus</i>	0.35	0.13	1.08	0.28	0.81	0.22	0.75	0.25	0.37	0.10	1.13	0.46	0.22	0.128
<i>Lactobacillus reuteri</i>	0.11	0.07	0.26	0.09	0.18	0.03	0.15	0.09	0.10	0.04	0.14	0.02	0.06	0.196
<i>Lactobacillus vaginalis</i>	0.31	0.11	0.56	0.24	0.55	0.08	0.51	0.32	0.31	0.07	0.37	0.06	0.10	0.155
<i>Candidatus arthromitus</i>	0.04	0.04	0.01	0.01	0.09	0.04	0.04	0.02	0.15	0.10	0.08	0.05	0.19	0.178
Clostridium (gen.)	7.50	0.56	7.91	0.76	7.40	0.61	6.35	0.37	6.81	0.88	8.24	1.07	0.42	0.084
<i>Clostridium hiranonis</i>	0.05	0.03	0.02	0.01	0.05	0.02	0.07	0.03	0.11	0.05	0.08	0.03	0.30	0.203
<i>Clostridium sp.</i>	2.39	0.25	2.23	0.36	2.36	0.26	1.84	0.17	1.68	0.27	2.77	0.51	0.16	0.120
<i>Clostridium vincentii</i>	0.05	0.02	0.03	0.03	0.02	0.01	0.15	0.04	0.33	0.11	0.14	0.04	<0.001***	0.326
Eubacterium (gen.)	0.10	0.04	0.10	0.05	0.28	0.12	0.15	0.10	0.15	0.03	0.10	0.03	0.63	0.073
Acetatifactor (gen.)	0.14	0.03	0.03	0.01	0.12	0.03	0.17	0.04	0.18	0.05	0.15	0.04	0.043*	0.182
Coprococcus (gen.)	1.01	0.44	0.35	0.15	0.66	0.35	0.59	0.26	0.40	0.13	0.28	0.16	0.61	0.044
<i>Eubacterium hadrum</i>	0.34	0.30	0.02	0.01	0.01	0.01	0.09	0.05	0.26	0.13	0.02	0.01	0.14	0.180
Lachnoanaerobaculum (gen.)	0.44	0.17	0.05	0.03	0.35	0.09	0.44	0.10	0.24	0.07	0.28	0.10	0.030*	0.232
Lachnoclostridium (gen.)	0.25	0.09	0.19	0.07	0.20	0.07	0.19	0.06	0.09	0.04	0.21	0.06	0.66	0.022
Roseburia (gen.)	0.31	0.16	0.05	0.05	0.23	0.07	0.26	0.12	0.38	0.13	0.83	0.29	0.001**	0.372
Ruminococcus (gen.)	4.61	0.78	4.99	0.89	5.44	0.56	4.31	0.70	3.41	0.47	4.23	0.64	0.25	0.176
Oscillibacter (gen.)	0.11	0.05	0.12	0.03	0.05	0.02	0.05	0.02	0.13	0.02	0.11	0.03	0.11	0.153

<i>Faecalibacterium</i> (gen.)	5.19	0.93	7.30	1.10	3.87	0.47	4.23	0.63	5.47	0.60	5.98	0.72	0.05	0.201
<i>Ruminiclostridium</i> (gen.)	0.09	0.01	0.04	0.02	0.07	0.01	0.06	0.02	0.07	0.02	0.05	0.02	0.24	0.137
<i>Turicibacter</i> (gen.)	0.55	0.20	0.18	0.11	0.65	0.12	0.58	0.20	0.60	0.23	1.27	0.46	0.023*	0.228
<i>Parasutterella</i> <i>excrementihominis</i>	0.09	0.03	0.25	0.11	0.05	0.02	0.31	0.12	0.23	0.11	0.15	0.06	0.52	0.090
<i>Bilophila</i> <i>Wadsworthia</i>	0.73	0.20	1.89	0.95	0.05	0.02	0.77	0.43	0.38	0.16	0.70	0.38	0.009**	0.241
<i>Desulfovibrio</i> (gen.)	0.11	0.05	0.00	0.00	0.15	0.08	0.01	0.01	0.45	0.22	0.15	0.05	0.014*	0.259