

SIMPER  
Similarity Percentages - species contributions

One-Way Analysis

*Data worksheet*

Name: Data1

Data type: Abundance

Sample selection: All

Variable selection: All

*Parameters*

Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

Cut off for low contributions: 30,00%

*Factor Groups*

Sample	Treatment
--------	-----------

C-	C-
C-	C-
C-	C-
C-	C-
C-	C-
C+	C+
C+	C+
C+	C+
C+	C+
C+	C+
PKA	PKA
PKA	PKA
PKA	PKA
PKA	PKA
PKA	PKA
PA	PA
PA	PA
PA	PA
PA	PA
PA	PA
PD	PD
PD	PD
PD	PD
PD	PD
PD	PD
ST	ST
ST	ST
ST	ST
ST	ST
ST	ST

# Groups C- & C+

Average dissimilarity = 27,71

	Group C-	Group C+				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Achromobacter	0,45	1,61	0,50	1,34	1,82	1,82
Tychonema CCAP_1459-11B	1,25	0,56	0,38	1,57	1,37	3,19
Flavobacterium	0,36	1,22	0,35	1,82	1,27	4,46
Fluviicola	0,00	0,83	0,34	7,09	1,22	5,67
Arthrobacter	0,00	0,80	0,32	1,71	1,16	6,84
Unassigned	2,30	1,60	0,32	1,56	1,15	7,99
Oerskovia	0,00	0,69	0,28	1,49	1,02	9,01
Chryseobacterium	0,66	0,00	0,27	2,66	0,96	9,97
Sphingobacterium	0,05	0,68	0,27	1,90	0,96	10,93
Olivibacter	0,00	0,61	0,25	1,28	0,91	11,84
Parapedobacter	0,00	0,62	0,25	1,34	0,91	12,75
Dyadobacter	0,28	0,88	0,25	1,92	0,90	13,64
Pseudarthrobacter	3,38	2,79	0,24	2,75	0,88	14,52
Noviherbaspirillum	0,00	0,57	0,23	1,76	0,84	15,36
Nitrosospira	0,10	0,65	0,23	3,58	0,82	16,18
Verrucomicrobium	0,55	0,00	0,23	4,91	0,82	16,99
Pontibacter	0,00	0,55	0,22	1,87	0,81	17,80
Pedobacter	0,49	1,04	0,22	3,57	0,80	18,60
Actinoplanes	0,69	0,24	0,22	1,57	0,80	19,40
Aeromicrobium	0,00	0,53	0,22	5,02	0,78	20,18
Xylophilus	1,03	0,56	0,20	1,82	0,73	20,91
Cellvibrio	0,22	0,69	0,19	5,47	0,69	21,60
Pseudorhodofex	0,73	0,44	0,19	1,99	0,69	22,29
Rhodococcus	0,71	1,11	0,19	1,56	0,67	22,96
Arcticibacter	0,55	0,11	0,18	1,56	0,66	23,62
Bacillus	1,19	0,77	0,18	1,68	0,65	24,27
Salinimicrobium	0,00	0,44	0,18	1,70	0,65	24,91
Pseudomonas	1,02	1,30	0,18	1,99	0,63	25,55
Microbacterium	0,21	0,60	0,17	1,17	0,63	26,18
Edaphobaculum	0,20	0,60	0,17	1,56	0,63	26,80
Pelomonas	0,60	0,44	0,17	1,24	0,62	27,43
Pantoea	0,54	0,60	0,17	1,19	0,60	28,03
TM7	0,41	0,00	0,17	3,18	0,60	28,63
Devosia	0,39	0,79	0,16	6,90	0,59	29,22
Moheibacter	0,00	0,39	0,16	1,90	0,57	29,80
Aliihoeflea	0,00	0,39	0,16	1,79	0,57	30,36

# Groups C- & PKA

Average dissimilarity = 25,74

	Group C-	Group PKA				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Noviherbaspirillum	0,00	1,06	0,44	3,79	1,72	1,72
Tychonema CCAP_1459-11B	1,25	0,39	0,40	1,34	1,56	3,29
Massilia	0,56	1,44	0,39	1,48	1,50	4,78
Nafulsella	0,00	0,74	0,31	1,72	1,20	5,98
Aeromicrobium	0,00	0,65	0,27	12,60	1,06	7,04
Pontibacter	0,00	0,65	0,27	3,38	1,06	8,10
Arthrobacter	0,00	0,63	0,26	1,70	1,02	9,12
Fluviicola	0,00	0,62	0,26	2,31	1,01	10,13
Pseudorhodoferrax	0,73	0,18	0,26	1,70	1,00	11,13
Pelomonas	0,60	0,00	0,25	1,73	0,96	12,09
Stenotrophomonas	0,57	0,00	0,24	4,25	0,93	13,02
Arcticibacter	0,55	0,00	0,23	2,01	0,90	13,91
Rhodococcus	0,71	0,18	0,22	2,08	0,86	14,77
Nitrosospira	0,10	0,63	0,22	2,93	0,85	15,63
Nitrobacter	0,00	0,53	0,22	12,79	0,85	16,48
Unassigned	2,30	2,16	0,21	1,53	0,83	17,31
IMCC26134	0,59	0,11	0,20	2,24	0,78	18,09
Chryseobacterium	0,66	0,21	0,19	2,00	0,75	18,83
Salinimicrobium	0,00	0,46	0,19	1,89	0,74	19,57
Pontibacillus	0,44	0,00	0,18	11,10	0,71	20,28
Pantoea	0,54	0,10	0,18	1,83	0,71	20,99
Pseudomonas	1,02	0,76	0,18	1,21	0,70	21,69
Rhizobacter	1,06	0,67	0,18	1,11	0,70	22,39
Lechevalieria	0,40	0,65	0,17	1,42	0,67	23,07
SH-PL14	0,00	0,41	0,17	6,02	0,67	23,74
Actinoplanes	0,69	0,48	0,17	1,43	0,65	24,39
Devosia	0,39	0,79	0,16	7,22	0,64	25,02
Opitutus	1,04	0,96	0,16	1,78	0,63	25,65
Candidatus Alysiosphaera	0,66	0,31	0,16	1,35	0,62	26,28
TM7a	0,14	0,52	0,16	1,94	0,62	26,90
Cellvibrio	0,22	0,60	0,16	2,33	0,62	27,52
Caenimonas	0,67	0,32	0,16	1,50	0,61	28,13
Rubrobacter	1,57	1,94	0,15	1,93	0,60	28,73
Nocardioides	0,71	1,08	0,15	2,48	0,59	29,31
Duganella	0,36	0,00	0,15	1,20	0,58	29,89
Cystobacter	0,73	0,55	0,15	1,37	0,58	30,47

# Groups C+ & PKA

Average dissimilarity = 23,98

	Group C+	Group PKA				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Achromobacter	1,61	0,26	0,56	1,46	2,32	2,32
Rhodococcus	1,11	0,18	0,38	3,50	1,57	3,90
Massilia	0,63	1,44	0,37	1,47	1,55	5,44
Nafulsella	0,00	0,74	0,30	1,72	1,25	6,69
Unassigned	1,60	2,16	0,28	1,62	1,16	7,86
Sphingobacterium	0,68	0,00	0,27	1,80	1,15	9,00
Oerskovia	0,69	0,09	0,26	1,50	1,09	10,09
Parapedobacter	0,62	0,00	0,25	1,34	1,04	11,13
Microbacterium	0,60	0,00	0,25	1,83	1,03	12,16
Flavobacterium	1,22	0,67	0,23	1,20	0,95	13,11
Noviherbaspirillum	0,57	1,06	0,23	1,55	0,94	14,05
Pseudomonas	1,30	0,76	0,22	1,58	0,92	14,97
Pantoea	0,60	0,10	0,21	1,03	0,86	15,83
Olivibacter	0,61	0,19	0,20	1,22	0,85	16,68
Arthrobacter	0,80	0,63	0,20	1,28	0,83	17,51
Stenotrophomonas	0,46	0,00	0,19	2,06	0,79	18,30
Knoellia	0,20	0,56	0,18	1,64	0,77	19,07
Pelomonas	0,44	0,00	0,18	1,14	0,74	19,80
Bacillus	0,77	1,12	0,17	2,10	0,70	20,51
Actinoplanes	0,24	0,48	0,16	1,65	0,68	21,18
Brachybacterium	0,40	0,00	0,16	5,61	0,67	21,85
Cellulomonas	0,17	0,56	0,16	1,97	0,67	22,52
Acidovorax	0,38	0,00	0,15	1,06	0,64	23,16
Terrabacter	0,15	0,47	0,15	1,95	0,64	23,80
Pseudactinotalea	0,37	0,00	0,15	11,66	0,63	24,43
Chiayiivirga	0,36	0,00	0,15	1,86	0,61	25,05
Telmatocola	0,00	0,36	0,14	1,74	0,60	25,64
Rubrobacter	1,85	1,94	0,14	1,54	0,58	26,22
Kocuria	0,34	0,00	0,14	1,84	0,57	26,79
Dyadobacter	0,88	0,58	0,14	1,36	0,57	27,36
Candidatus_Alysiosphaera	0,44	0,31	0,13	1,40	0,56	27,92
Isosphaera	0,00	0,33	0,13	1,07	0,55	28,47
Cryptosporangium	0,14	0,39	0,13	3,22	0,54	29,01
Williamsia	0,34	0,04	0,13	1,71	0,53	29,55
Rufibacter	0,00	0,31	0,13	17,79	0,53	30,08

## Groups C- & PA

Average dissimilarity = 24,97

	Group C-	Group PA				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Tychonema_CCAP_1459-11B	1,25	0,29	0,41	1,25	1,64	1,64
Phormidesmis_ANT.L52.6	0,07	0,79	0,32	1,28	1,27	2,91
Acidovorax	0,00	0,76	0,31	1,55	1,25	4,16
Pseudorhodoferax	0,73	0,00	0,30	1,64	1,19	5,35
Fluviicola	0,00	0,71	0,29	3,15	1,17	6,53
Actinoplanes	0,69	0,00	0,28	1,94	1,12	7,65
Chryseobacterium	0,66	0,00	0,27	2,66	1,08	8,73
Phormidium_CYN64	0,00	0,63	0,26	1,13	1,04	9,76
Stenotrophomonas	0,57	0,00	0,24	4,25	0,95	10,71
Arthrobacter	0,00	0,57	0,23	10,09	0,94	11,65
Bacteriovorax	0,09	0,63	0,22	2,07	0,88	12,53
Rhodococcus	0,71	0,18	0,22	1,99	0,88	13,41
Pantoea	0,54	0,08	0,19	1,92	0,75	14,16
Nitrosospira	0,10	0,55	0,19	2,66	0,75	14,91
Aeromicrobium	0,00	0,45	0,19	1,74	0,75	15,66
Unassigned	2,30	2,33	0,19	1,63	0,74	16,40
TM7a	0,14	0,59	0,19	2,15	0,74	17,14
Pelomonas	0,60	0,25	0,18	1,51	0,74	17,88
Massilia	0,56	0,98	0,18	2,90	0,71	18,59
SH-PL14	0,00	0,42	0,18	14,60	0,70	19,29
Verrucomicrobium	0,55	0,62	0,18	1,24	0,70	19,99
Flavobacterium	0,36	0,78	0,17	2,81	0,69	20,69
Quadrisphaera	0,41	0,00	0,17	8,72	0,68	21,37
Achromobacter	0,45	0,41	0,17	1,33	0,68	22,05
Pseudarthrobacter	3,38	2,98	0,17	2,62	0,66	22,71
Pontibacter	0,00	0,39	0,16	1,76	0,64	23,35
Solirubrobacter	0,72	0,34	0,16	1,29	0,63	23,99
Ideonella	0,48	0,66	0,16	1,43	0,63	24,62
Arcticibacter	0,55	0,19	0,15	1,33	0,61	25,23
Bacillus	1,19	0,95	0,15	1,32	0,60	25,83
Caenimonas	0,67	0,34	0,15	1,47	0,60	26,43
Opitutus	1,04	1,07	0,15	1,56	0,59	27,02
Longimicrobium	0,36	0,00	0,15	6,13	0,59	27,61
Craurococcus-Caldovatus	0,46	0,11	0,14	2,78	0,58	28,19
Micromonospora	0,21	0,39	0,14	1,40	0,58	28,77
Ellin6067	0,55	0,21	0,14	2,06	0,57	29,34
Cellvibrio	0,22	0,47	0,14	2,39	0,56	29,90

Lechevalieria	0,40	0,22	0,14	1,37	0,56	30,46
---------------	------	------	------	------	------	-------

### Groups C+ & PA

Average dissimilarity = 24,59

	Group C+	Group PA				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Achromobacter	1,61	0,41	0,51	1,37	2,08	2,08
Rhodococcus	1,11	0,18	0,37	3,21	1,52	3,60
Phormidesmis ANT.L52.6	0,00	0,79	0,31	1,18	1,27	4,87
Unassigned	1,60	2,33	0,30	1,57	1,23	6,10
Oerskovia	0,69	0,00	0,28	1,49	1,13	7,23
Sphingobacterium	0,68	0,07	0,26	1,93	1,04	8,27
Phormidium CYN64	0,00	0,63	0,25	1,13	1,02	9,29
Olivibacter	0,61	0,00	0,25	1,28	1,01	10,30
Verrucomicrobium	0,00	0,62	0,25	1,15	1,01	11,30
Parapedobacter	0,62	0,00	0,25	1,34	1,01	12,31
Microbacterium	0,60	0,00	0,25	1,83	1,00	13,30
Acidovorax	0,38	0,76	0,24	1,52	0,96	14,27
Noviherbaspirillum	0,57	0,00	0,23	1,76	0,93	15,20
Pantoea	0,60	0,08	0,21	1,07	0,86	16,06
Ideonella	0,25	0,66	0,20	1,39	0,83	16,89
Flavobacterium	1,22	0,78	0,19	1,06	0,77	17,66
Bacteriovorax	0,18	0,63	0,19	1,95	0,77	18,44
Stenotrophomonas	0,46	0,00	0,19	2,06	0,76	19,20
Arthrobacter	0,80	0,57	0,18	1,89	0,74	19,94
Lechevalieria	0,63	0,22	0,18	1,70	0,73	20,67
Pseudorhodoferrax	0,44	0,00	0,18	8,27	0,73	21,40
Salinimicrobium	0,44	0,00	0,18	1,70	0,72	22,11
Brachybacterium	0,40	0,00	0,16	5,61	0,65	22,76
Pelomonas	0,44	0,25	0,16	1,40	0,64	23,40
Pseudactinotalea	0,37	0,00	0,15	11,67	0,61	24,01
Quadrifera	0,37	0,00	0,15	1,69	0,60	24,61
Chiayiivirga	0,36	0,00	0,15	1,86	0,59	25,20
Massilia	0,63	0,98	0,15	1,06	0,59	25,79
Dyadobacter	0,88	0,54	0,14	1,37	0,58	26,37
TM7	0,00	0,35	0,14	13,89	0,57	26,95
TX1A-55	0,00	0,35	0,14	10,03	0,57	27,52
Micromonospora	0,21	0,39	0,14	1,39	0,57	28,09
Kocuria	0,34	0,00	0,14	1,84	0,55	28,65
Bacillus	0,77	0,95	0,13	1,91	0,53	29,18
Pontibacter	0,55	0,39	0,13	1,35	0,52	29,70

Adhaeribacter	0,72	1,04	0,13	2,97	0,52	30,22
---------------	------	------	------	------	------	-------

### Groups PKA & PA

Average dissimilarity = 21,57

	Group PKA	Group PA				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Noviherbaspirillum	1,06	0,00	0,44	3,80	2,02	2,02
Phormidesmis ANT.L52.6	0,00	0,79	0,32	1,18	1,48	3,50
Acidovorax	0,00	0,76	0,31	1,55	1,44	4,94
Nafulsella	0,74	0,07	0,29	1,81	1,33	6,27
Massilia	1,44	0,98	0,28	1,53	1,30	7,57
Phormidium CYN64	0,00	0,63	0,26	1,13	1,19	8,76
Ideonella	0,14	0,66	0,24	1,56	1,09	9,85
Bacteriovorax	0,08	0,63	0,22	2,13	1,03	10,88
Lechevalieria	0,65	0,22	0,21	1,65	0,97	11,86
Verrucomicrobium	0,21	0,62	0,21	1,11	0,96	12,82
Actinoplanes	0,48	0,00	0,20	1,86	0,91	13,73
Salinimicrobium	0,46	0,00	0,19	1,89	0,87	14,60
Quadrisphaera	0,42	0,00	0,17	6,53	0,80	15,40
Unassigned	2,16	2,33	0,16	1,14	0,76	16,16
Micromonospora	0,00	0,39	0,16	1,38	0,73	16,89
Knoellia	0,56	0,37	0,15	1,56	0,71	17,60
Achromobacter	0,26	0,41	0,15	1,44	0,70	18,31
Pseudomonas	0,76	1,05	0,15	1,28	0,67	18,98
Telmatocola	0,36	0,00	0,14	1,74	0,67	19,65
TX1A-55	0,00	0,35	0,14	10,10	0,67	20,32
Luteitalea	0,00	0,34	0,14	10,47	0,64	20,96
Candidatus Alysiosphaera	0,31	0,37	0,14	1,28	0,63	21,59
Solirubrobacter	0,47	0,34	0,13	1,23	0,63	22,21
Isosphaera	0,33	0,00	0,13	1,07	0,62	22,84
Bacillus	1,12	0,95	0,13	1,13	0,62	23,46
Pontibacter	0,65	0,39	0,13	1,43	0,61	24,07
Chitinophaga	0,58	0,88	0,13	1,68	0,61	24,68
Kribbella	0,39	0,55	0,13	1,38	0,61	25,29
Pontibacillus	0,00	0,32	0,13	7,86	0,60	25,89
Rhizobacter	0,67	0,95	0,13	1,10	0,60	26,49
Candidatus Solibacter	0,00	0,31	0,13	1,92	0,59	27,08
Arthrobacter	0,63	0,57	0,13	1,34	0,58	27,66
Terrabacter	0,47	0,27	0,12	1,77	0,58	28,24
Nitrobacter	0,53	0,23	0,12	1,46	0,57	28,81
Dactylosporangium	0,45	0,70	0,12	1,01	0,57	29,38

Fluviicola	0,62	0,71	0,12	1,45	0,56	29,95
Candidatus Entotheonella	0,62	0,34	0,12	1,17	0,54	30,49

### Groups C- & PD

Average dissimilarity = 26,12

	Group C-	Group PD				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Arthrobacter	0,00	1,03	0,42	1,73	1,61	1,61
Tychonema CCAP 1459-11B	1,25	0,68	0,37	1,78	1,40	3,01
Kocuria	0,00	0,88	0,36	1,79	1,36	4,37
Fluviicola	0,00	0,67	0,27	4,02	1,05	5,42
Sanguibacter	0,00	0,62	0,25	1,68	0,97	6,39
Nitrosospira	0,10	0,71	0,25	3,63	0,95	7,34
Chryseobacterium	0,66	0,05	0,25	2,38	0,95	8,29
Streptosporangium	0,30	0,83	0,24	1,29	0,93	9,22
Pelomonas	0,60	0,00	0,24	1,73	0,92	10,14
Unassigned	2,30	1,80	0,24	1,51	0,91	11,05
Stenotrophomonas	0,57	0,00	0,23	4,25	0,89	11,94
Pontibacter	0,00	0,55	0,22	1,60	0,85	12,79
Nitrobacter	0,00	0,54	0,22	8,65	0,84	13,63
Pseudorhodoferrax	0,73	0,38	0,21	1,73	0,81	14,44
Bacillus	1,19	0,80	0,21	1,49	0,79	15,23
Cellvibrio	0,22	0,71	0,20	4,88	0,77	16,00
Achromobacter	0,45	0,75	0,19	1,47	0,74	16,74
Brachybacterium	0,16	0,56	0,19	1,88	0,72	17,46
Williamsia	0,00	0,46	0,19	4,24	0,72	18,18
Olivibacter	0,00	0,45	0,18	7,26	0,70	18,88
Noviherbaspirillum	0,00	0,45	0,18	1,81	0,70	19,58
Aeromicrobium	0,00	0,43	0,17	1,93	0,66	20,24
Virgibacillus	0,00	0,42	0,17	2,53	0,66	20,91
Opitutus	1,04	0,84	0,17	1,84	0,66	21,56
Pantoea	0,54	0,13	0,17	1,67	0,64	22,20
Cystobacter	0,73	0,53	0,16	1,41	0,62	22,82
IMCC26134	0,59	0,19	0,16	1,92	0,61	23,43
Xylophilus	1,03	0,64	0,16	1,79	0,61	24,04
Pseudarthrobacter	3,38	3,00	0,16	2,64	0,59	24,63
Ellin6055	1,25	0,89	0,15	1,96	0,58	25,22
Flavobacterium	0,36	0,73	0,15	2,43	0,58	25,80
Rubrobacter	1,57	1,94	0,15	2,12	0,57	26,37
Arcticibacter	0,55	0,21	0,15	1,33	0,57	26,94
Psychrobacillus	0,00	0,37	0,15	6,74	0,57	27,51



Knoellia	0,46	0,82	0,15	1,50	0,57	28,08
Candidatus Alysiosphaera	0,66	0,33	0,15	1,23	0,57	28,65
Duganella	0,36	0,00	0,15	1,20	0,56	29,20
Longimicrobium	0,36	0,00	0,14	6,13	0,55	29,76
Pseudomonas	1,02	1,17	0,14	1,69	0,55	30,30

### Groups C+ & PD

Average dissimilarity = 23,18

	Group C+	Group PD				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Achromobacter	1,61	0,75	0,40	1,24	1,74	1,74
Streptosporangium	0,13	0,83	0,28	1,33	1,20	2,94
Oerskovia	0,69	0,00	0,27	1,49	1,18	4,12
Kocuria	0,34	0,88	0,27	2,07	1,15	5,27
Arthrobacter	0,80	1,03	0,25	1,29	1,07	6,33
Sanguibacter	0,00	0,62	0,25	1,68	1,07	7,40
Knoellia	0,20	0,82	0,25	2,82	1,06	8,46
Parapedobacter	0,62	0,00	0,24	1,34	1,05	9,51
Rhodococcus	1,11	0,54	0,23	2,43	0,97	10,48
Actinoplanes	0,24	0,77	0,22	1,96	0,96	11,44
Sphingobacterium	0,68	0,23	0,22	2,51	0,93	12,37
Flavobacterium	1,22	0,73	0,20	1,09	0,87	13,24
Pantoea	0,60	0,13	0,19	0,97	0,83	14,06
Stenotrophomonas	0,46	0,00	0,18	2,06	0,80	14,86
Cellulomonas	0,17	0,62	0,18	2,11	0,78	15,63
Pelomonas	0,44	0,00	0,17	1,14	0,74	16,38
Verrucomicrobium	0,00	0,41	0,16	1,64	0,70	17,08
Olivibacter	0,61	0,45	0,16	1,35	0,69	17,77
Unassigned	1,60	1,80	0,16	1,35	0,68	18,45
Dyadobacter	0,88	0,52	0,15	1,43	0,64	19,09
Psychrobacillus	0,00	0,37	0,14	6,75	0,62	19,71
Chiayiivirga	0,36	0,00	0,14	1,86	0,62	20,33
Cryptosporangium	0,14	0,44	0,14	2,33	0,61	20,95
Bacillus	0,77	0,80	0,14	1,80	0,61	21,56
Methylibium	0,44	0,15	0,14	1,84	0,60	22,15
Acidovorax	0,38	0,17	0,14	1,29	0,59	22,75
Micromonospora	0,21	0,33	0,14	1,21	0,58	23,33
Noviherbaspirillum	0,57	0,45	0,14	1,33	0,58	23,91
Microbacterium	0,60	0,28	0,14	0,97	0,58	24,50
Pontibacter	0,55	0,55	0,13	1,16	0,58	25,08
Rubrobacter	1,85	1,94	0,13	1,58	0,58	25,66

Candidatus Alysiosphaera	0,44	0,33	0,13	1,42	0,56	26,22
Brachybacterium	0,40	0,56	0,13	2,04	0,55	26,77
Salinimicrobium	0,44	0,20	0,13	1,62	0,54	27,31
Virgisporangium	0,41	0,72	0,12	1,26	0,53	27,84
Phytohabitans	0,00	0,31	0,12	0,92	0,53	28,36
Phyllobacterium	0,50	0,20	0,12	1,48	0,52	28,89
Archangium	0,86	1,16	0,12	1,70	0,52	29,41
Terrabacter	0,15	0,39	0,12	1,74	0,52	29,93
Tychonema_CCAP_1459-11B	0,56	0,68	0,12	1,48	0,50	30,43

### Groups PKA & PD

Average dissimilarity = 20,98

	Group PKA	Group PD				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Kocuria	0,00	0,88	0,35	1,79	1,68	1,68
Massilia	1,44	0,69	0,34	1,44	1,62	3,30
Nafulsella	0,74	0,00	0,30	1,72	1,42	4,72
Arthrobacter	0,63	1,03	0,27	1,47	1,28	6,00
Noviherbaspirillum	1,06	0,45	0,25	1,82	1,21	7,22
Streptosporangium	0,30	0,83	0,25	1,34	1,17	8,39
Sanguibacter	0,10	0,62	0,23	1,76	1,09	9,49
Brachybacterium	0,00	0,56	0,23	1,75	1,07	10,56
Achromobacter	0,26	0,75	0,22	1,74	1,05	11,61
Unassigned	2,16	1,80	0,22	2,53	1,03	12,64
Bacillus	1,12	0,80	0,18	1,30	0,88	13,52
Williamsia	0,04	0,46	0,17	3,16	0,82	14,34
Pseudomonas	0,76	1,17	0,17	1,29	0,81	15,15
Rhizobacter	0,67	1,01	0,15	1,18	0,71	15,86
Psychrobacillus	0,00	0,37	0,15	6,76	0,70	16,56
Rhodococcus	0,18	0,54	0,15	2,71	0,70	17,26
Tychonema_CCAP_1459-11B	0,39	0,68	0,14	1,74	0,67	17,93
Salinimicrobium	0,46	0,20	0,14	2,04	0,65	18,58
Cystobacter	0,55	0,53	0,14	1,17	0,65	19,23
Candidatus Alysiosphaera	0,31	0,33	0,13	1,19	0,64	19,87
Micromonospora	0,00	0,33	0,13	1,02	0,64	20,51
Isosphaera	0,33	0,00	0,13	1,07	0,63	21,14
Pontibacter	0,65	0,55	0,13	1,24	0,61	21,75
Dactylosporangium	0,45	0,70	0,13	1,08	0,60	22,35
Actinoplanes	0,48	0,77	0,13	1,12	0,60	22,95
Phytohabitans	0,00	0,31	0,12	0,92	0,59	23,55
Knoellia	0,56	0,82	0,12	0,91	0,57	24,12

Nakamurella	0,00	0,29	0,12	1,94	0,56	24,68
Verrucomicrobium	0,21	0,41	0,12	1,57	0,55	25,23
TM7a	0,52	0,33	0,11	1,21	0,53	25,76
Microbacterium	0,00	0,28	0,11	1,89	0,53	26,29
possible genus 04	0,43	0,34	0,11	1,29	0,53	26,82
Pseudorhodoferrax	0,18	0,38	0,11	1,46	0,53	27,34
Solirubrobacter	0,47	0,64	0,11	1,13	0,52	27,87
Ellin517	0,60	0,37	0,11	1,41	0,52	28,39
Lechevalieria	0,65	0,67	0,11	1,11	0,51	28,90
Altererythrobacter	0,15	0,42	0,11	1,78	0,51	29,41
Olivibacter	0,19	0,45	0,11	2,05	0,50	29,91
Fluviicola	0,62	0,67	0,10	1,43	0,49	30,41

### Groups PA & PD

Average dissimilarity = 23,37

	Group PA	Group PD				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum. %
Kocuria	0,00	0,88	0,35	1,79	1,50	1,50
Actinoplanes	0,00	0,77	0,31	5,60	1,32	2,82
Phormidesmis ANT.L52.6	0,79	0,12	0,30	1,38	1,30	4,11
Arthrobacter	0,57	1,03	0,28	2,52	1,19	5,30
Acidovorax	0,76	0,17	0,26	1,58	1,12	6,42
Streptosporangium	0,21	0,83	0,25	1,22	1,08	7,50
Phormidium CYN64	0,63	0,00	0,25	1,13	1,07	8,57
Sanguibacter	0,00	0,62	0,25	1,68	1,07	9,64
Brachybacterium	0,00	0,56	0,22	1,75	0,95	10,60
Unassigned	2,33	1,80	0,22	1,56	0,93	11,52
Bacteriovorax	0,63	0,10	0,21	2,07	0,91	12,43
Achromobacter	0,41	0,75	0,20	1,43	0,87	13,30
Ideonella	0,66	0,26	0,20	1,54	0,86	14,16
Verrucomicrobium	0,62	0,41	0,19	1,12	0,80	14,95
Quadrisphaera	0,00	0,47	0,19	7,99	0,80	15,75
Lechevalieria	0,22	0,67	0,18	1,77	0,78	16,53
Knoellia	0,37	0,82	0,18	1,99	0,78	17,31
Olivibacter	0,00	0,45	0,18	7,28	0,77	18,08
Noviherbaspirillum	0,00	0,45	0,18	1,81	0,77	18,84
Bacillus	0,95	0,80	0,17	1,36	0,71	19,55
Tychonema CCAP 1459-11B	0,29	0,68	0,16	1,69	0,69	20,24
Pseudorhodoferrax	0,00	0,38	0,15	1,76	0,64	20,89
Psychrobacillus	0,00	0,37	0,15	6,77	0,63	21,51

Rhodococcus	0,18	0,54	0,14	2,21	0,62	22,13
TX1A-55	0,35	0,00	0,14	10,13	0,60	22,73
Micromonospora	0,39	0,33	0,14	1,44	0,60	23,33
Williamsia	0,12	0,46	0,14	2,31	0,60	23,93
Pontibacter	0,39	0,55	0,14	1,38	0,60	24,52
Kribbella	0,55	0,34	0,14	1,26	0,59	25,12
Solirubrobacter	0,34	0,64	0,13	1,14	0,57	25,69
Candidatus Alysiosphaera	0,37	0,33	0,13	1,23	0,56	26,25
Cellulomonas	0,30	0,62	0,13	1,61	0,55	26,80
Ellin517	0,68	0,37	0,13	1,51	0,54	27,34
Nitrobacter	0,23	0,54	0,12	1,48	0,53	27,88
Candidatus Solibacter	0,31	0,00	0,12	1,93	0,53	28,41
Phytohabitans	0,00	0,31	0,12	0,92	0,53	28,94
Aquabacterium	0,31	0,00	0,12	1,82	0,53	29,46
TM7a	0,59	0,33	0,12	1,18	0,52	29,99
Pseudoxanthomonas	1,20	0,91	0,12	1,23	0,52	30,51

#### Groups C- & ST

Average dissimilarity = 27,04

	Group C-	Group ST				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Arthrobacter	0,00	1,35	0,56	1,52	2,05	2,05
Tychonema CCAP_1459-11B	1,25	0,42	0,40	1,38	1,47	3,52
Virgibacillus	0,00	0,79	0,32	1,18	1,19	4,72
Bdellovibrio	0,00	0,75	0,31	2,39	1,16	5,88
Flavobacterium	0,36	1,11	0,31	1,71	1,16	7,04
Fluviicola	0,00	0,74	0,31	4,42	1,14	8,18
Pseudorhodoferrax	0,73	0,00	0,30	1,64	1,11	9,29
TM7a	0,14	0,82	0,28	1,48	1,05	10,34
Unassigned	2,30	1,74	0,26	1,51	0,98	11,31
Aeromicrobium	0,00	0,62	0,26	15,16	0,96	12,28
Pontibacter	0,00	0,62	0,26	3,79	0,95	13,23
Pseudarthrobacter	3,38	2,77	0,26	3,25	0,94	14,18
Kocuria	0,00	0,58	0,24	1,08	0,88	15,05
Arcticibacter	0,55	0,00	0,23	2,01	0,85	15,90
Cellvibrio	0,22	0,76	0,23	4,47	0,84	16,74
Roseisolibacter	0,53	0,00	0,22	13,22	0,81	17,55
Nitrospira	0,10	0,60	0,21	3,18	0,78	18,33
Achromobacter	0,45	0,73	0,21	1,53	0,77	19,10
Rubrobacter	1,57	2,08	0,21	2,03	0,77	19,87
Bacteriovorax	0,09	0,55	0,19	2,31	0,71	20,58

Chryseobacterium	0,66	0,24	0,19	1,99	0,69	21,27
Pelomonas	0,60	0,25	0,19	1,54	0,69	21,96
Allostreptomyces	0,00	0,43	0,18	1,95	0,66	22,62
Glycomyces	0,00	0,43	0,18	1,76	0,66	23,28
Verrucomicrobium	0,55	0,14	0,17	2,50	0,65	23,93
Streptomyces	0,77	1,17	0,17	1,03	0,65	24,57
Pseudomonas	1,02	1,15	0,17	1,68	0,63	25,20
Microvirga	2,03	1,80	0,17	1,04	0,61	25,81
Bacillus	1,19	0,95	0,17	1,47	0,61	26,42
Rhodococcus	0,71	0,36	0,16	2,21	0,60	27,02
Opitutus	1,04	0,99	0,16	1,68	0,58	27,60
Lechevalieria	0,40	0,59	0,16	1,33	0,58	28,18
SH-PL14	0,00	0,38	0,15	1,94	0,57	28,75
Actinoplanes	0,69	0,58	0,15	1,08	0,57	29,32
IMCC26134	0,59	0,23	0,15	1,68	0,57	29,88
Duganella	0,36	0,00	0,15	1,20	0,55	30,43

#### Groups C+ & ST

Average dissimilarity = 24,69

	Group C+	Group ST				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Achromobacter	1,61	0,73	0,43	1,27	1,73	1,73
Arthrobacter	0,80	1,35	0,40	1,67	1,60	3,34
Rhodococcus	1,11	0,36	0,31	3,16	1,24	4,57
Virgibacillus	0,33	0,79	0,29	1,82	1,17	5,75
Oerskovia	0,69	0,00	0,28	1,49	1,13	6,88
Sphingobacterium	0,68	0,00	0,27	1,80	1,11	7,99
Parapedobacter	0,62	0,00	0,25	1,34	1,01	8,99
Microbacterium	0,60	0,00	0,25	1,83	1,00	9,99
Noviherbaspirillum	0,57	0,00	0,23	1,76	0,93	10,93
Flavobacterium	1,22	1,11	0,22	1,49	0,90	11,82
Kocuria	0,34	0,58	0,21	1,55	0,83	12,66
Bdellovibrio	0,27	0,75	0,20	1,66	0,82	13,47
Actinoplanes	0,24	0,58	0,19	1,46	0,77	14,24
Olivibacter	0,61	0,26	0,19	1,14	0,76	15,00
Pseudorhodoferrax	0,44	0,00	0,18	8,27	0,73	15,73
Pantoea	0,60	0,30	0,18	1,02	0,71	16,44
Allostreptomyces	0,00	0,43	0,17	1,95	0,71	17,15
TM7a	0,49	0,82	0,17	1,30	0,71	17,85
Rubrobacter	1,85	2,08	0,16	1,52	0,66	18,51
Unassigned	1,60	1,74	0,16	1,34	0,65	19,16

Brachybacterium	0,40	0,00	0,16	5,61	0,65	19,81
Pelomonas	0,44	0,25	0,16	1,43	0,64	20,45
Bacteriovorax	0,18	0,55	0,15	1,73	0,63	21,08
Dyadobacter	0,88	0,51	0,15	1,45	0,62	21,71
Knoellia	0,20	0,48	0,15	1,37	0,62	22,33
Streptomyces	1,09	1,17	0,15	1,24	0,62	22,94
Pseudactinotalea	0,37	0,00	0,15	11,66	0,61	23,56
Nonomuraea	0,44	0,81	0,15	1,57	0,61	24,16
Chiayiivirga	0,36	0,00	0,15	1,86	0,59	24,76
TM7	0,00	0,36	0,14	1,70	0,59	25,34
Microvirga	1,89	1,80	0,14	1,06	0,58	25,93
possible genus 04	0,32	0,67	0,14	1,90	0,57	26,50
Acidovorax	0,38	0,20	0,14	1,31	0,56	27,06
Williamsia	0,34	0,00	0,14	1,75	0,56	27,61
Terrabacter	0,15	0,48	0,13	2,07	0,54	28,15
Micromonospora	0,21	0,33	0,13	1,37	0,53	28,69
Roseisolibacter	0,32	0,00	0,13	1,16	0,52	29,21
Candidatus Alysiosphaera	0,44	0,44	0,13	1,42	0,52	29,73
Salinimicrobium	0,44	0,32	0,13	1,24	0,51	30,23

### Groups PKA & ST

Average dissimilarity = 22,74

	Group PKA	Group ST				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Noviherbaspirillum	1,06	0,00	0,44	3,80	1,93	1,93
Arthrobacter	0,63	1,35	0,42	1,65	1,85	3,78
Bdellovibrio	0,00	0,75	0,31	2,39	1,37	5,15
Massilia	1,44	0,87	0,31	1,51	1,35	6,50
Nafulsella	0,74	0,00	0,31	1,72	1,34	7,84
Virgibacillus	0,21	0,79	0,31	1,57	1,34	9,18
Achromobacter	0,26	0,73	0,24	1,92	1,04	10,22
Unassigned	2,16	1,74	0,24	2,08	1,04	11,26
Kocuria	0,00	0,58	0,24	1,08	1,04	12,30
Flavobacterium	0,67	1,11	0,23	1,74	1,01	13,31
Pseudomonas	0,76	1,15	0,20	1,52	0,87	14,17
Bacteriovorax	0,08	0,55	0,19	2,40	0,85	15,03
Allostreptomyces	0,00	0,43	0,18	1,95	0,78	15,81
TM7a	0,52	0,82	0,18	1,38	0,78	16,59
Roseisolibacter	0,43	0,00	0,18	7,76	0,78	17,37
Microvirga	2,08	1,80	0,16	1,00	0,72	18,09
Bacillus	1,12	0,95	0,16	1,53	0,70	18,79

Ideonella	0,14	0,52	0,16	2,42	0,69	19,48
Knoellia	0,56	0,48	0,15	1,36	0,68	20,16
Rhizobacter	0,67	1,01	0,15	1,20	0,66	20,82
Candidatus_Alysiosphaera	0,31	0,44	0,15	1,31	0,66	21,48
Actinoplanes	0,48	0,58	0,14	1,26	0,63	22,11
Lechevalieria	0,65	0,59	0,14	1,01	0,62	22,72
Pontibacillus	0,00	0,34	0,14	1,85	0,61	23,34
BIy10	0,73	0,95	0,14	1,47	0,61	23,95
Isosphaera	0,33	0,00	0,14	1,07	0,60	24,55
Cystobacter	0,55	0,59	0,13	1,22	0,59	25,14
possible genus 04	0,43	0,67	0,13	1,33	0,59	25,73
Dactylosporangium	0,45	0,69	0,13	1,14	0,59	26,32
Micromonospora	0,00	0,33	0,13	1,19	0,58	26,90
Solirubrobacter	0,47	0,71	0,13	1,17	0,58	27,48
Pseudarthrobacter	3,07	2,77	0,13	1,62	0,56	28,04
Salinimicrobium	0,46	0,32	0,12	1,17	0,55	28,59
Nonomuraea	0,55	0,81	0,12	1,50	0,55	29,13
Prostheco bacter	0,06	0,36	0,12	4,26	0,54	29,67
Streptomyces	1,05	1,17	0,12	0,92	0,52	30,19

### Groups PA & ST

Average dissimilarity = 22,82

	Group PA	Group ST				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum. %
Arthrobacter	0,57	1,35	0,41	1,68	1,79	1,79
Phormidesmis ANT.L52.6	0,79	0,07	0,31	1,29	1,37	3,17
Virgibacillus	0,22	0,79	0,30	1,60	1,32	4,48
Bdellovibrio	0,12	0,75	0,26	1,91	1,14	5,63
Acidovorax	0,76	0,20	0,26	1,57	1,14	6,77
Phormidium_CYN64	0,63	0,00	0,26	1,13	1,12	7,89
Unassigned	2,33	1,74	0,25	1,55	1,07	8,96
Actinoplanes	0,00	0,58	0,24	1,69	1,04	10,00
Kocuria	0,00	0,58	0,23	1,08	1,02	11,02
Verrucomicrobium	0,62	0,14	0,22	1,10	0,97	11,99
Achromobacter	0,41	0,73	0,21	1,36	0,93	12,92
Flavobacterium	0,78	1,11	0,21	1,93	0,91	13,83
Lechevalieria	0,22	0,59	0,19	1,52	0,82	14,65
Allostreptomyces	0,00	0,43	0,18	1,95	0,77	15,42
TM7a	0,59	0,82	0,17	1,47	0,74	16,16
Roseisolibacter	0,40	0,00	0,17	1,72	0,72	16,88
Solirubrobacter	0,34	0,71	0,16	1,21	0,70	17,59

Microvirga	1,99	1,80	0,15	0,98	0,66	18,25
Bacillus	0,95	0,95	0,15	1,49	0,66	18,91
Candidatus Entotheonella	0,34	0,57	0,15	1,45	0,65	19,56
possible genus_04	0,30	0,67	0,15	1,94	0,65	20,21
Ideonella	0,66	0,52	0,15	1,36	0,64	20,86
TX1A-55	0,35	0,00	0,14	10,10	0,63	21,49
Candidatus Alysiosphaera	0,37	0,44	0,14	1,36	0,61	22,10
Rubrobacter	1,78	2,08	0,14	1,29	0,59	22,69
Glycomyces	0,17	0,43	0,13	1,61	0,59	23,27
Cellvibrio	0,47	0,76	0,13	1,25	0,58	23,85
Salinimicrobium	0,00	0,32	0,13	1,15	0,57	24,42
Knoellia	0,37	0,48	0,13	1,28	0,56	24,98
Streptomyces	1,08	1,17	0,12	0,98	0,54	25,52
Micromonospora	0,39	0,33	0,12	1,16	0,54	26,05
Adhaeribacter	1,04	0,75	0,12	1,72	0,53	26,58
Stenotrophobacter	0,46	0,17	0,12	2,30	0,52	27,10
Corallococcus	0,29	0,00	0,12	1,93	0,52	27,62
Nonomuraea	0,61	0,81	0,12	1,75	0,51	28,13
Kribbella	0,55	0,45	0,12	1,07	0,51	28,63
Cohnella	0,09	0,36	0,12	2,17	0,51	29,14
Nostoc_PCC-73102	0,70	0,45	0,11	1,11	0,50	29,64
Cystobacter	0,66	0,59	0,11	1,38	0,49	30,13

### Groups PD & ST

Average dissimilarity = 22,84

	Group PD	Group ST				
Species	Av.Abund	Av.Abund	Av.Diss	Diss/SD	Contrib%	Cum.%
Arthrobacter	1,03	1,35	0,38	1,59	1,64	1,64
Virgibacillus	0,42	0,79	0,28	2,38	1,23	2,87
Bdellovibrio	0,07	0,75	0,28	2,15	1,22	4,09
Kocuria	0,88	0,58	0,25	1,32	1,10	5,19
Sanguibacter	0,62	0,00	0,25	1,68	1,10	6,29
Streptosporangium	0,83	0,32	0,24	1,27	1,03	7,32
TM7a	0,33	0,82	0,23	1,39	1,02	8,34
Brachybacterium	0,56	0,00	0,22	1,75	0,98	9,33
Flavobacterium	0,73	1,11	0,21	1,76	0,92	10,25
Williamsia	0,46	0,00	0,19	4,25	0,82	11,07
Roseisolibacter	0,46	0,00	0,19	6,08	0,82	11,89
Bacteriovorax	0,10	0,55	0,18	2,29	0,81	12,69
Noviherbaspirillum	0,45	0,00	0,18	1,81	0,79	13,48
Bacillus	0,80	0,95	0,18	1,46	0,77	14,25



Achromobacter	0,75	0,73	0,17	1,27	0,73	14,99
BIyi10	0,61	0,95	0,15	1,45	0,68	15,66
Pseudorhodoferrax	0,38	0,00	0,15	1,76	0,66	16,33
Cystobacter	0,53	0,59	0,15	1,39	0,66	16,98
Knoellia	0,82	0,48	0,15	1,37	0,66	17,64
Microvirga	2,01	1,80	0,15	0,97	0,65	18,29
Psychrobacillus	0,37	0,00	0,15	6,76	0,64	18,94
Candidatus Alysiosphaera	0,33	0,44	0,15	1,31	0,64	19,57
possible_genus_04	0,34	0,67	0,14	1,53	0,62	20,20
Nonomuraea	0,54	0,81	0,13	1,66	0,59	20,79
Micromonospora	0,33	0,33	0,13	1,29	0,59	21,37
Verrucomicrobium	0,41	0,14	0,13	1,58	0,58	21,95
Tychonema CCAP 1459-11B	0,68	0,42	0,13	1,64	0,58	22,54
Cellulomonas	0,62	0,33	0,13	1,47	0,56	23,10
Pontibacter	0,55	0,62	0,12	1,38	0,55	23,64
Nodularia PCC-9350	0,29	0,48	0,12	1,94	0,54	24,18
Phytohabitans	0,31	0,00	0,12	0,92	0,54	24,73
Actinoplanes	0,77	0,58	0,12	1,11	0,54	25,26
Quadrisphaera	0,47	0,19	0,12	1,70	0,53	25,80
Allostreptomyces	0,23	0,43	0,12	1,35	0,53	26,32
Taibaiella	0,33	0,49	0,12	1,76	0,51	26,84
Nakamurella	0,29	0,00	0,12	1,94	0,51	27,35
Streptomyces	0,95	1,17	0,12	0,79	0,51	27,86
Sphingourantiacus	0,28	0,00	0,11	5,54	0,49	28,36
Salinimicrobium	0,20	0,32	0,11	1,64	0,49	28,85
Mycobacterium	0,46	0,71	0,11	1,03	0,49	29,34
Microbacterium	0,28	0,00	0,11	1,89	0,49	29,82
Glycomyces	0,27	0,43	0,11	1,51	0,48	30,30