

塩素化エチレン汚染の生物浄化に伴う土壌微生物叢への影響

2019年1月

綿引 沙織

塩素化エチレン汚染の生物浄化に伴う土壌微生物叢への影響

筑波大学大学院

生命環境科学研究科

生物機能科学専攻

博士（農学）学位論文

綿引 沙織

<目次>

第1章 緒言	1
1.1 土壌・地下水汚染を引き起こす汚染化合物の環境中における循環	1
1.2 日本における土壌・地下水汚染を含む水環境行政の歴史	2
1.3 日本における土壌・地下水汚染の現状	3
1.4 揮発性有機化合物の特徴	3
1.5 汚染化合物の浄化方法	4
1.6 バイオレメディエーションの実施例	6
1.7 <i>Rhodococcus jostii</i> RHA1 の特徴	6
1.8 微生物によるバイオレメディエーションを用いる際の問題点	7
1.9 微生物コミュニティの構造解析および機能解析の手法	7
1.10 本研究の狙いと戦略	16
第2章 RHA1 株を用いた TCE/cDCE 汚染土壌におけるバイオレメディエーション に伴う導入微生物の挙動と土壌微生物叢の変化	23
2.1 諸言	23
2.2 材料と実験方法	25
2.3 結果	28
2.3.1 汚染土壌における物理パラメーターの変化	28
2.3.2 ホールゲノムショットガンシーケンスによる微生物コミュニティの 解析	30
2.3.3 PCoA 解析による微生物叢の遷移	31
2.3.4 微生物叢の機能解析	31
2.3.5 TCE/cDCE 分解酵素遺伝子の発現解析	32
2.4 考察	33

第3章 総括	58
謝辞	61
引用文献	62
Supplementary table	67

略語

PCE : perchloroethylene

TCE : Trichloroethylene

rRNA : Ribosomal ribonucleic acid

DNA : Deoxyribonucleic acid

PCR : Polymerase chain reaction

RDP : Ribosomal database project

DGGE : Denaturing-gradient gel electrophoresis

TGGE : Temperature-gradient gel electrophoresis

ARDRA : Amplified ribosomal DNA restriction analysis

T-RFLP : Terminal restriction fragment length polymorphism

T-RFs : Terminal restriction fragments

LH-PCR : Length heterogeneity polymerase chain reaction

RISA : Ribosomal intergenic space analysis

IGS : Intergenic spacer

qPCR : Quantitative polymerase chain reaction

SIP : Stable isotope probing

FISH : Fluorescence in situ hybridization:

NGS : Next-generation sequencing

DCE : Dichloroethene

PCB : Poly chlorinated biphenyl

PAH : Polycyclic aromatic hydrocarbon

PCB : Poly Chlorinated Biphenyl

MG-RAST : Metagenomics annotation subsystem technology

PCoA : Principal coordinates analysis

RD : Reductive degradation

EC : Electric conductivity

ORP : Oxidation reduction potential

DO : Dissolved oxygen

第1章

諸言

20世紀中頃より地球温暖化、酸性雨、オゾン層の破壊や土壌・地下水・海洋汚染などの深刻化した環境問題を解決するために、世界各国で様々な取り組みが行われてきた。この問題の起源の一つは、18世紀に起こったイギリスの産業革命であり、この革命により諸産業における様々な技術革新および資本主義社会において大きな社会構造の変化をもたらされた。そして、わずか約200年の間に人類の文明や生活環境は劇的な飛躍を遂げ、現在の人類は、より高度で洗練された生活を求めて日々の社会活動を営んでいる。約46億年前に地球が誕生したことを考えると、この変化は驚異的なスピードである。しかし、これと同時に、僅か約200年の間で急激に地球環境が破壊され続けてきた。近年の人類の社会活動によって深刻化かつ複雑化した環境問題を解決するため、世界各国において生物学、生態学などを含む自然科学だけではなく経済学、政治学などの人文社会科学も含めた包括的な研究が行われている(1、図1)。本論文では、解決すべき環境問題のひとつである土壌・地下水汚染の浄化および修復に焦点をあてた研究について論じる。

1.1 土壌・地下水汚染を引き起こす汚染化合物の環境中における循環

我々の生活に身近な汚染化合物として、殺虫剤、農薬、重金属、炭化水素、トリクロロエチレンなどの揮発性化合物が挙げられる(2)。このような汚染化合物は、農場、排水処理施設や工業地帯で使用・集積され、その付近の土壌を汚染する(図2)。その後、汚染化合物は土壌深くに浸透して地下水に溶け込む。汚染された地下水は、河川、湖沼や海洋に流れ込み、より広い範囲に拡散してゆく。そして、汚染された水環境に生息する魚や哺乳類などの生物の移動や生体濃縮によって汚染化合物は広範囲の環境に拡散する。生物以外にも、水や海水の蒸発に伴ってこれらの汚染化合物が大

気中に拡散され、汚染化合物を含む水蒸気により形成された雲が発生することによって、汚染化合物を含んだ雨が地上に降り注ぐ。また、大気中に漂っている汚染化合物は風により遠方に飛散する。このような環境循環により汚染化合物は、最初の汚染区域を越えてより広い範囲で汚染を引き起こすことになる (2)。

1.2 日本における土壌・地下水汚染を含む水環境行政の歴史

日本における土壌・水環境行政の歴史は、1870年後半に渡良瀬川流域の銅汚染(足尾鉍毒事件)をはじめとした鉍山廃水による農用地の汚染に端を発する(3,4,表1)。4大公害病である水俣病、第二水俣病、四日市ぜんそく、イタイイタイ病の発生を受け、1967年に公害対策基本法(環境基本法の施行、1993廃止)が制定された。その後、1970年代には東京都江東区の鉍さい埋立跡地の六価クロム(重金属)汚染が確認された。1970年には、農用地の土壌の汚染防止等に関する法律および公共用水域の水質汚濁の防止に関することを定めた水質汚濁防止法が制定された。その後、1991年には、土壌の汚染にかかる環境基準の設定、1993年には日本の環境政策の根幹を定める基本法である環境基本法が制定された。1994年には、水道原水の浄水処理に伴い副次的に生成し、発ガン性を有すること等が疑われている有機ハロゲン化合物が水道水から検出され、特定水道利水傷害の防止のための水道水源、地域の水質の保全に関する特別措置および水道原水水質保全事業の実施の促進に関する法律が制定された。その後、地下水の水質汚濁にかかる環境基準値の設定(1997年)、ダイオキシン類対策特別措置法の制定(1999年)に続き、土壌汚染の状況の把握、土壌汚染対策法が制定(2002年)された。2009年には、地下水・公共用水域における水質汚濁にかかる環境基準項目の追加・変更がなされ、2013年には東日本大震災による放射性物質の被害を受けて適用除外となっていた放射性物質が環境基本法へ追加された。このように、近年の我が国は、多くの環境汚染とその防除対策を繰り返しているといえる。

1.3 日本における土壌・地下水汚染の現状

環境省の資料によると土壌・地下水汚染は重金属、農薬、揮発性有機化合物に分けられるが、特に、揮発性有機化合物由来の汚染が深刻化している (4)。揮発性有機化合物については、ジクロロメタン、四塩化炭素、1,2-ジクロロエタン、1,1-ジクロロエチレン、シス-1,2-ジクロロエチレン、1,1,1-トリクロロエタン、1,1,2-トリクロロエタン、トリクロロエチレン(TCE)、テトラクロロエチレン (PCE)、ベンゼン、1,3-ジクロロプロペンが土壌から除去すべき対象の化合物とされている。その中でも、現在、最も地下水汚染の報告事例が多いのは、PCE および TCE である (4)。

1.4 揮発性有機化合物の特徴

揮発性有機化合物は、水よりも比重が大きいため土壌の深い箇所に移動し、汚染を長期的に引き起こす傾向がある。特に TCE 汚染は、1970 年に US において初めて報告されて以来、ドイツ、日本をはじめとする各国で大きな問題となっている (5)。TCE の使用は 1920 年代から始まり、主な用途は金属の洗浄剤やドライクリーニング溶剤などの工業分野を始め食品分野や農業分野などにも幅広く使用されてきた (6)。国際がん研究機関の報告によると、TCE はおそらくヒトに対して発がん性がある物質として分類されている(7)。化学物質評価研究機構によると、TCE は中枢神経抑制の作用があり、その暴露によって、集中力の欠如、頭痛、記憶喪失などの症状を呈することが確認されている。マウスやラットを用いた動物実験では、肝細胞の変性や壊死、腎臓への影響、精子数の減少や運動性の低下、授乳中の死亡率の上昇などの生殖毒性が生じることが報告されている (8-14)。

こうした多様な毒性を有するにも関わらず、2005 年のデータによると世界の TCE の供給量は 6.7×10^5 トンであり、消費量は 4.3×10^5 トンに上ることが報告されている。経

経済産業省の化学工業統計によると日本における TCE の生産量は年々減少傾向にあるものの、現在でも年間 5 万トンの TCE が生産されている。生産された TCE の一部は輸出されているものの、その大半は国内で代替フロン合成原料や脱脂洗浄剤などとして消費されており、現在も TCE による汚染の危険が存在している (14, 15)。

1.5 汚染化合物の浄化方法

特に深刻な汚染を引き起こしている TCE を例にとり浄化の方法を述べる。土壌・地下水浄化の方法は、“応急対策”と“恒久対策”の 2 種類に分類される。両者とも雨水などにより汚染区域が拡大しないよう対策することを目的としており、応急対策は、恒久対策が速やかに行うことが出来ない場合に実施される。汚染化合物を取り除くための方法は、物理処理、化学処理および生物処理に分類される (16-20)。

物理処理としては、土壌ガス吸引法、地下水揚げ水法や土壌掘削法が挙げられる。主にこれらの物理処理は活性炭吸着と組み合わせて実施される。土壌ガス吸引法は、まず土壌に井戸やポンプを設置して不飽和帯に存在する汚染化合物を地上に吸引し、その後、活性炭を用いて土壌ガス中の汚染化合物を吸着・除去する方法である。地下水揚げ水法は、井戸などを用いて汚染された地下水を地上に汲みあげて(揚げ水)、その揚げ水に曝気処理や活性炭による吸着処理を実施して汚染化合物の除去を行う方法である。土壌掘削法は、汚染土壌を掘削し、原位置もしくは原位置外において汚染化合物を風力乾燥、加熱乾燥、石灰処理(水和反応による熱エネルギーを利用した汚染物質の揮発)や活性炭を用いて汚染化合物を吸着除去する方法である。化学分解は土壌と地下水を対象として実施されており、酸化・還元・触媒反応を利用する。

原位置における化学分解は鉄粉による汚染化合物の酸化やマグネシウムによる汚染化合物の不溶化がある。原位置外では、タンクなどを用いて汚染された地下水を酢酸セルロースや芳香族ポリアクリルアミド膜などのイオン交換樹脂に透過させて汚染化

化合物の除去を行う方法がある。物理処理および化学処理は、高濃度の汚染区域の浄化に適しているが、実施可能な範囲が狭く、コストが割高になる傾向がある。

生物処理は、微生物や植物などが持つ化学物質の分解能力を利用して環境中に放出された汚染化合物を分解・無毒化する方法であり、バイオレメディエーションと呼ばれている。バイオレメディエーションには、バイオスパーシング、バイオベンディング、バイオオーグメンテーション、バイオスティミュレーション、バイオパイル、ファイトレメディエーションやバイオリアクターがある (20-22)。バイオスパーシングは、帯水層より地下の部分において、地下水の酸素濃度を増加させ、土壌微生物群の生分解能を上昇させて汚染化合物を分解する方法である。設計が容易でありコストも低く抑えられる利点を持つ。バイオベンディングは、帯水層の土壌微生物に酸素を供給することにより汚染化合物の分解を促進させる方法である。バイオオーグメンテーションは、培養した分解微生物を汚染土壤に導入する方法であり、短期間で汚染物質の除去ができる点が優れている。バイオスティミュレーションは、酸素や基質を汚染土壤に添加して土着の分解微生物により汚染化合物を分解する方法である。バイオパイルは、汚染された土壤を掘り返して土壌微生物の活性化に必要な基質や酸素などを添加して、汚染化合物を浄化する方法である。ファイトレメディエーションは、重金属、PCB、PAHなどを対象としており、植物の酵素などを用いて汚染化合物を回収、除去する方法である。バイオリアクターは、原位置外でのスラリーや水槽リアクターにより汚染サイトからくみ上げられた地下水や土壤を浄化する方法である。

生物処理は低濃度で土壤深くの汚染区域の浄化に対して有効であり、さらにコストも物理処理や化学処理に比べて低いことから、近年、野外実験サイトを用いて様々な実証実験が行われている。

1.6 バイオレメディエーションの実施例

主にバイオスティミュレーションやバイオオーグメンテーションは土壌や地下水の修復に用いられている。土壌や地下水は、嫌気環境であるため *Dehalococcoides* 属細菌、メタン資化性細菌などの嫌気性細菌を用いて浄化することが主流である (21)。平成 20 年に経済産業省のプロジェクトで *Dehalococcoides* 属細菌を含むコンソーシアを用い、塩素化エチレンに汚染された地下水および土壌を浄化する試験が実施された。平成 30 年には塩素化エチレン類を分解する嫌気性菌 (*Dehalococcoides mccarti* UCH007 株および *Sulfurospirillum sp.*UCH001 株) を地盤に直接導入し、土壌および地下水中に存在する塩素化エチレンをエチレンにまで分解する試験が実施されており、微生物による汚染化合物の除去方法の開発が進められている。しかしながら、これらの嫌気性細菌は、分解に時間を要する塩化ビニルなど二次的な汚染化合物を生成することが指摘されており、有害な中間代謝産物を生産しない微生物による浄化方法の開発が望まれている (23)。

1.7 *Rhodococcus jostii* RHA1 の特徴

二次的な汚染物質を産生せず塩素化エチレン類を分解できる微生物として RHA1 株が注目されている。RHA1 株は、*Actinobacteria* 門 *Rhodococcus* 属に分類されるグラム陽性細菌であり、 γ -ベンゼンヘキサクロリドによる汚染土壌から単離された。塩素化エチレンをグリオキシル酸と二酸化炭素に完全に分解できる性質をもつ。RHA1 株は、今日まで配列決定された中で最大の細菌ゲノムを有し、線状染色体に配置された 9,702,737 bp (67%GC 含量) および 3 つの線状プラスミドから構成されている。RHA1 株は 9,145 のタンパク質をコードする遺伝子を持つことが推定されており、オキシゲナーゼ (203) およびリガーゼ (192) を多く含むことが特徴的である。オキシゲナーゼの多くは、芳

香族化合物またはステロイドを分解すると予測されており、特に強力なポリ塩化ビフェニル分解能との関連の研究が進められている (25-27)。

1.8 微生物によるバイオレメディエーションを行う際の問題点

RHA1 株や *Dehalococcoides* 属細菌などの微生物を用いたバイオレメディエーションは、広範で低濃度の汚染物質を除去するために有用な技術である。しかしながら、使用する際に留意すべき点として環境への影響が懸念されている。環境省は、利用微生物が人の健康に与える影響、利用微生物が生態系に与える影響、利用微生物の環境中での残留、栄養分として注入する物質の影響、有害な分解性生物の影響、輸送・保管等作業の実施に掛る環境影響、その他の7つの項目に分け、これを提唱している。これに対応するために、バイオレメディエーションに際しては、土壌微生物のコミュニティの変化、利用微生物の汚染サイトにおける挙動や関与している酵素・代謝経路を網羅的に調べることにより環境への影響を評価することが求められる (15)。

1.9 微生物コミュニティの構造解析および機能解析の手法

土壌微生物への影響を解析するためには、微生物コミュニティの構造解析や機能解析など種々の方法を組み合わせて使用する必要がある (2, 図3)。以下、これらの手法の現状について概説する。

1.9.1 微生物コミュニティの構造解析

系統学的マーカーの分子的多様性に基づく培養非依存的なコミュニティ解析は、汚染サイトの微生物コミュニティを調べる有用な方法である。スモールサブユニット rRNA マーカーは、微生物に広く保存されており、系統解析のための標準マーカーである。それに加えて、分解能など特有の微生物における能力を調べるために様々な異

化代謝マーカー遺伝子も使用されており、微生物群の構成と機能という両面から微生物コミュニティを理解することが可能となっている。これらを調べるための方法として以下の技術が利用されている (2)。

- ・クローンライブラリーとシーケンス

クローンライブラリー法は、多様性解析のパイオニアの1つであり、現在も広く使用されている技術の1つである。この方法は、特定の環境から回収された DNA より PCR で増幅された系統的なマーカーのクローニングに依存している。PCR で増幅した遺伝子をベクターにクローニングして、インサートのシーケンスを行い、既知のデータベース (GenBank や Ribosomal Database Project: RDP など) の配列情報と比較して微生物の同定や決定を行う。環境サンプルからのクローンライブラリーのシーケンスは、原核生物の多様性について重要な情報を与える。しかしながら、典型的な 16S rRNA 含有のクローンライブラリーは、1,000 よりも少ない配列を含み、試料中の微生物多様性を十分に解析できない。この手法は限界があるため、予備的な微生物多様性の解析にしばしば用いられる (2)。

- ・遺伝的フィンガープリント法

これは、環境 DNA から増幅された PCR 産物の直接分析に基づいて微生物群のプロファイルを生成する技術である。一般に、この手法は、迅速であり複数の試料の同時分析が可能である、微生物群衆の影響や差異を明らかにすることができる反面、必ずしも直接的な分類学的特性を与えるものではない。しかしながら、汚染サイトにおける微生物集団に対する非生物的・生物的因素の影響の評価において特に重要な手法である。この手法は、変性または温度勾配ゲル電気泳動 (DGGE/TGGE) に分類される。この手法は、特異的な分子量マーカー (16S rRNA など) を PCR 増幅し、得られた DNA 断片を DNA 変性剤の直線勾配や温度による直線温度勾配がある 2 次元ポリアクリルアミドゲル中を用いて、部分的に融解した二本鎖 DNA 分子の電気泳動移動度の低下

に依存して分離する。DNA 断片の消失を防ぐことと 1 本鎖生成のために、PCR 増幅の際に 30~50 ヌクレオチド長の高 GC 含有配列が 5'末端に付加される。増幅された PCR 産物は、長さが 500 bp に制限され、配列の違いにより生じる融解挙動により分離される。

この手法のデメリットは、微生物群由来の配列情報は、いくらかの微生物において系統学的同定のために十分な塩基配列の長さが得られない点である。ひとつの微生物のマルチコピーの rRNA の配列不均一性が、ゲル中に複数のバンドを生じさせ、過剰評価を導く。また、異なる 16S rRNA が同じ融解点を持っている可能性があるため、同じ位置にバンドを形成する問題もある。加えて、DGGE の問題は、バンド強度が本来の微生物ポピュレーションを反映していない可能性がある点である。同じ微生物のマルチコピーの遺伝子が強いバンド強度を示すことで多様性の過小評価を導いてしまうという問題点がある (2)。

・ Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis (ARDRA)

ARDRA は、簡単で費用対効果が高く迅速にコミュニティプロファイルを評価するために開発された方法であり、汚染サイトの微生物コミュニティを調べるために T-RFLP や DGGE などの手法と共に使用されることが多い。PCR 増幅された 16S rDNA 断片を制限酵素で処理して、その産物をゲル電気泳動で分離する。異なる DNA 配列は、異なる場所で切断されてコミュニティ解析をする為の固有のフィンガープリントを生成する。ゲル状でのコミュニティ rDNA パターンは、使用する制限酵素の影響を大きく受ける。ARDRA のバンドパターンは、クローンのスクリーニングや微生物コミュニティ構造の測定に使用することができる。ARDRA は、微生物構造の変化を検出するために有用な方法ではあるが、複雑なバンドパターンが生成されるため複雑な微生物コミュニティを正確な解釈をすることが難しい。また、未知の rDNA 配列を対象とする場合、制限酵素の最適化がしばしば難しいという問題がある (2)。

- Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP)

T-RFLP は、微生物コミュニティ研究に広く用いられている手法であり、改良された ADRDA 法と位置付けられる。T-RELP では 5'末端が蛍光標識されたプライマーを使用することが ADRDA との違いである。この手法では、PCR 産物を複数の末端制限断片 (T-RFs)を得るために制限酵素処理し、高分解能ゲル電気泳動により分離、可視化、定量化する。得られる電気泳動プロファイルは、遊走距離が異なる一連のピークとして微生物群集コミュニティを示す。蛍光標識されたプライマーを使用するため、分析は制限酵素処理された末端のみに制限され、バンドパターンも単純になる。これにより複雑なコミュニティの解析が可能になり、各可視化バンドが 16s rRNA の配列をコンピュータ上でその類似度を指標にして分類した時に得られる単位である OTU または rRNA をコードする遺伝子を含む断片を検出してそのパターン表すリボタイプを表し、微生物集団の多様性に関する情報も得ることができる。

T-RFLP では、自動化された検出システムとキャピラリー電気泳動を活用することによって、他の手法よりも深い解像度でハイスループットな微生物コミュニティの定量解析を行う。この手法は、高い精度と感度を持っているが、試料からの DNA の抽出法に高く依存し、かつ 16S rRNA マーカーの PCR 増幅は PCR バイアスやユニバーサルプライマーの選択に影響を受けることが欠点である。また、異なる酵素は異なるフィンガープリントを生成し、加えて制限酵素による不完全な消化断片は多様性の過大評価を導くため制限酵素の選択は重要である。DGGE/TGGE と比較した際の欠点は、フラグメントの単離が難しく、大抵は配列決定のためには短すぎ、生成された T-RFs から適切な系統学的情報を検索することが難しいことである (2)。

- Length Heterogeneity Polymerase Chain Reaction (LH-PCR)

LH-PCR は、遺伝子内の突然変異のために生じる自然長多型に基づく異なる微生物が区別される点を除き T-RFLP と似た手法である。この手法は、16S rRNA マーカーの超可変領域を標的とし、特徴的なプロファイルを提供する。LH-PCR の際、蛍光色素を用いて DNA を増幅する。ピーク強度は、その特定のアンプリコンの相対存在量に比例する。T-RFLP と比較した際の利点は、制限酵素処理を必要としないため、PCR 産物を直接蛍光検出器で観察することができる点である。デメリットは、系統学的に異なる分類群が同じ長さのアンプリコンを生成する可能性があり、複雑なアンプリコンピークや多様性を解析できない点である (2)。

・ Ribosomal Intergenic Space Analysis (RISA)

RISA は、スモール 16S rRNA サブユニットとラージ 23S rRNA サブユニットの遺伝子間スペーサー (IGS) 領域の一部の PCR 増幅に依存する。IGS 領域は種に応じて有意な配列や長さ (50~1500 bp) の変動性を持っており、微生物の属種の同定を容易にする。汚染サイトの微生物コミュニティ解析における RISA の適用は、リボソーム間の遺伝子間スペーサー配列のデータベースが限られているため、やや制限を受ける。さらに、環境微生物を対象とした場合には RISA の配列変動性が大きすぎる可能性がある。RISA の分類学的分解能は 16S rRNA よりも高く、非常に複雑なコミュニティプロファイルを生成することができることが期待されている。この技術の自動化バージョンも利用可能であり、標識されたプライマーの蛍光発光を測定することにより PCR アンプリコンの存在量およびサイズが検出できる (2)。

1.9.2 微生物コミュニティの機能解析

系統発生的なマーカーから微生物群集の詳細な情報が得られるようになり、他の異化特異的機能遺伝子も汚染サイトにおける異なる環境に存在する土壌微生物の機能的な能力を検出するために使用されている。微生物コミュニティの機能プロファイルに

より、微生物の系統の機能を関連付けるだけではなく、汚染化合物の生体変換に積極的に関与するもしくは支配的に影響を与える特異的な微生物グループに対する新しい知見を得ることができる。とくに培養非依存的な様々なアプローチである PCR ベース、アレイベース、マススペクトロメトリーベース（メタプロテオミクス）、ハイスループットシークエンスベース（メタトランスクリプトミクス）は、近年、コミュニティの機能解析に用いられており、微生物の代謝の多様性を理解する為の重要な情報を提供する (2)。

・ qPCR

qPCR は、機能遺伝子と分類遺伝子マーカーの発現と分布について迅速で正確な測定ができる新しい技術であり、汚染サイトのバイオレメディエーション中の微生物コミュニティのダイナミックな機能のモニタリングと異化活性の評価が可能である。PCR 中にリアルタイムに増幅を検出することができ、アンプリコンは反応の早期指数関数期に特異的に定量可能である。PCR 反応の生成物の量に関する蛍光量をサイクルの終了時に計測する。qPCR の利点は、速度、感度、精度が高く、自動化ができる点である。しかし、qPCR は遺伝子量を定量するものであることから、得られる結果は必ずしも特定の測定可能な微生物活性または遺伝子発現を関連づけられるものではない。土壌および水試料から抽出された RNA 試料は収率が低く、しばしば正確な土壌微生物集団を表さない。また、増幅反応に使用される特異的なプローブは、環境試料中に存在する配列多様性を網羅できない場合もある (2)。

・ マイクロアレイ

マイクロアレイは、チップ上に多数の核酸が付着しており、環境試料中の複数の遺伝子を同時に検出することが可能である。マイクロアレイは、固体支持体に直接付着した相補 DNA プローブ (500~5000 塩基長) またはオリゴヌクレオチド (10-75 bp) と、試料中の相補的な DNA/RNA とのハイブリダイゼーションを行う。従来の膜を用いた

ハイブリダイゼーションと比較して、マイクロアレイは小型化されているという利点がある。さらに、アレイ上の単一のみスマッチプローブの存在によってプローブの標的特異性が担保され、配列特異的なシグナルを非特異的なシグナルと区別することが可能となる。マイクロアレイは、環境微生物学とくに生分解に関与する微生物集団の同定と生態系での役割の研究において成果をあげてきた。一方、マイクロアレイは多くの環境で支配的な集団のみを検出する点、既知の配列の特異的な検出のためにプローブが設計されているために未知の配列を含む試料では誤ったシグナルを生成する点が問題である。さらに、土壌や水などに含まれるフマル酸などの有機酸がハイブリダイゼーションを阻害することも報告されている (2)。

・安定同位体プロービング (SIP)

微生物群に安定同位体 (^{13}C など)を取り込ませることにより、活発に成長する微生物群を評価できる手法である。細胞内に取り込まれた安定同位体 (^{13}C) により、DNA が標識される。塩化セシウム沈殿 (CsCl)を用いて ^{12}C から ^{13}C を分子の大きさでふるい分けて ^{13}C で標識された DNA を、クローンライブラリー技術やフィンガープリントによって解析することにより微生物の同定を行うことができる。また、近年のイメージングや分光技術の進歩により、SIP を FISH やラマン顕微鏡などと組み合わせることで微生物の同定や微生物コミュニティの活性を一細胞レベルで調べることが可能となった (2)。

1.9.3 微生物の *in situ* での分布量の決定

微生物の分布を *in situ* で定量することは、環境中での微生物プロセスを理解するために重要である。従来の培養ベースの方法は、未培養微生物の分布を測定するためには適していない。ハイブリダイゼーションに基づく手法は、培養に依存せずにそのままの生理状態を知ることができ、細胞内 rRNA と土壌微生物のダイナミックな構造変化を知

ることが可能である。これまでに、数多くの rRNA に基づく技術が環境試料中の微生物コミュニティの定量のために用いられている。rRNA または機能遺伝子のターゲットを用いた直接 *in situ* 検出は、放射線や細胞定量の技術の組み合わせで自然環境中の微生物コミュニティの生態系における影響を観察するために有用である (2)。

・ 蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション

rRNA の標的領域への選択的ハイブリダイゼーションを可能にする特定のオリゴ DNA プローブを用いる。微生物細胞をスライドガラス上に固定化した後、蛍光標識オリゴ DNA プローブ (15-25 bp) とハイブリダイズさせて、エピ蛍光または共焦点レーザー顕微鏡下で観察する。rRNA 標的プローブとのハイブリダイゼーションは、形態学的特徴を得られるため未培養微生物や複雑な微生物コミュニティの説明をするための判断材料となる。16S rRNA 遺伝子に保存された領域または固有の領域に基づく 2 つのタイプのオリゴ DNA プローブが開発されている。ドメインもしくはグループ特異的なプローブは、微生物コミュニティの主要な微生物の系統を同定でき、種特異的なプローブは、特異的な種や株の分布を定量もしくは評価できる。FISH の欠点は、プローブの種類が制限されていることと、環境サンプルの蛍光バックグラウンドである。また、リボソーム含有量が低下した微生物細胞において染色が十分にされないこと、微生物の代謝についての知見が得られないという欠点を有する(2)。

1.9.4 オミクス技術の適用

オミクススペースの DNA シークエンス技術は、従来のサンガーシークエンスでは達成できないギガ単位のシークエンス情報を迅速に提供することから、次世代シークエンス (NGS) もしくはディープシークエンスと呼ばれる。NGS の解析プラットフォームには、454 パイロシークエンス (Roche)、Misx Solexa (Illumia)、Ion torrent などがある。これらは高精度のシークエンスができる手法であり、汚染サイトの微生物叢の解

析、微生物の機能解析を網羅的に実施すること可能である。そのため、近年オミクス技術を用いた研究が活発に行われている (2)。

- ・メタゲノミクス

21世紀の最初の10年間に開発され、微生物生態学に大きな革新を起こしたオミクス技術の基盤となる手法である。メタゲノミクスは、環境試料中で利用可能な微生物ゲノムを再構成したものであり、事前の知識なしにコミュニティの構成をすることができるとされる手法である。遺伝的フィンガープリント法は、増幅させた遺伝子に関する情報が得られないため、コミュニティを部分的にしか解析できない。一方、メタゲノム解析は、環境試料から回収した全てのDNAをシーケンス・解析することが可能であることから、コミュニティ全体を解析できる。さらに、メタゲノム解析は未培養微生物の生理的役割やそれらの異化・同化代謝における相互作用についても重要な知見を与える。環境メタゲノムライブラリーは、新しい微生物酵素や抗生物質などを見つけるために有用なリソースとしても利用される (2)。

- ・メタトランスクリプトーム

トランスクリプトームやメタトランスクリプトームは、微生物 mRNA を基にして環境微生物コミュニティの活性の機能的な知見を得る手法である。トランスクリプトーム解析は、全 mRNA の抽出と濃縮を行った後、逆転写により cDNA 合成をし、それらの塩基配列を決定する。この手法は、環境微生物の分布と機能を結び付けるために重要である (2)。

- ・メタプロテオミクス

微生物のタンパク質の組成や量の変化の同定に有用である。最近、伝統的なプロテオーム解析が環境サンプル中における微生物群のタンパク質発現プロファイルを検出するために使用されている。これらの“コミュニティプロテオミクス”または“メタプロテオミクス”は、2次元電気泳動と質量分析技術の開発、タンパク質配列および

構造データベースの改良により著しい飛躍をとげた。MALDI-TOF MS は、ペプチド質量フィンガープリント原理に基づき 2 次元電気泳動ゲルスポットから摘出されたタンパク質を同定するために最も広く使われている技術である。エレクトロスプレーイオン化源を介して液体クロマトグラフィーと MS を連結した LC-ESI-MS は、多種の微生物由来のペプチド断片を分離しタンパク質を同定することができる。メタプロテオーム解析において MALDI-TOF MS また LC-ESI-MS によって生成されたペプチド質量フィンガープリントの同定は、タンパク質データバンクからアーカイブ化される (2)。

1.10 本研究の狙いと戦略

1.9 で概説した手法により利用微生物の分解機序、関与している酵素・代謝経路の推定、土着微生物の構造変化が評価されている。従来用いられてきたクローンライブラリー法や DGGE 法などの微生物構造の解析方法は、培養や PCR 増幅依存的であり、優占種の影響を大きく受けることが問題であった。また、qPCR 法などの遺伝子発現の解析についても、特異的な機能遺伝子の発現に注目して検証を行っており、土壤微生物全体の遺伝子の発現を評価できないという問題があった。そのため、とりわけ最近では網羅的に微生物の挙動や構造変化を調べることができるメタゲノム解析やメタトランスクリプトーム解析が注目されている。しかしながら、野外サイトの汚染物質の浄化においてこれらの方法を用いた研究は報告数が少なく、評価方法の確立がされていないという問題がある。この問題を解決するためには、野外の汚染箇所の汚染物質の浄化を試行し、浄化に伴うメタゲノム解析やメタトランスクリプトーム解析を行うことによって、これらの手法を用いた評価方法の有効性を検証することが重要である。また、この取り組みは、新たな汚染上の評価の実例を増やす面からも重要である。そこで、本研究では、第一に、この取り組みを行うことを目的とした。また、

浄化の対象としては、国内外で大きな問題となっている塩素化エチレンを選抜し、有害な代謝産物を生成しないと注目されている RHA1 株を用いたバイオオーグメンテーションにより野外 TCE/cDCE 汚染サイトの浄化に伴う RHA1 株の土壌における挙動と TCE/cDCE の分解への貢献を検討した。また、メタゲノミクス解析とメタトランスクリプトーム解析を組み合わせたマルチオミクス解析を用いて、この時の土壌微生物叢の変化を解析した。

環境汚染・健康

- ・ 土壌・地下水汚染・化学物質リスク管理
- ・ 健康/環境影響・水質汚染・大気汚染
- ・ 物質環境動態

人類の生活の発展により深刻化

気候変動

- ・ 適応策・緩和策・気候変動予測
- ・ 気候変動影響予測/評価

生物多様性・生態系

- ・ 生態系サービスの評価/管理
- ・ 生物多様性・生態系の把握/予測

自然科学に加えて法規制や倫理学・教育などを含んだ人文学の研究を含めて解決のための多面的なアプローチが行われている

図1. 環境問題への取り組み

〈汚染化合物〉 農薬、殺虫剤、揮発性有機化合物VOC, etc 汚染化合物の流れ →

汚染化合物は、はじめの汚染区域を越えて拡大し続ける

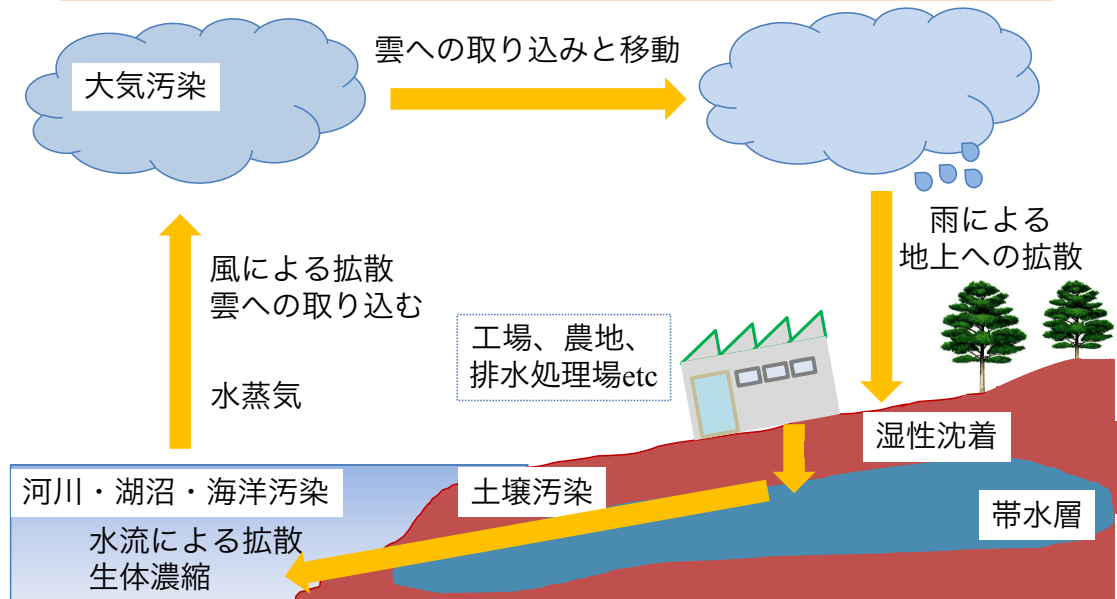


図2. 汚染物質の環境中における循環

参考資料: SURAJIT DAS, MICROBIAL BIODEGRADATION AND BIOREMEDIATION, ELSEVIER, 2014

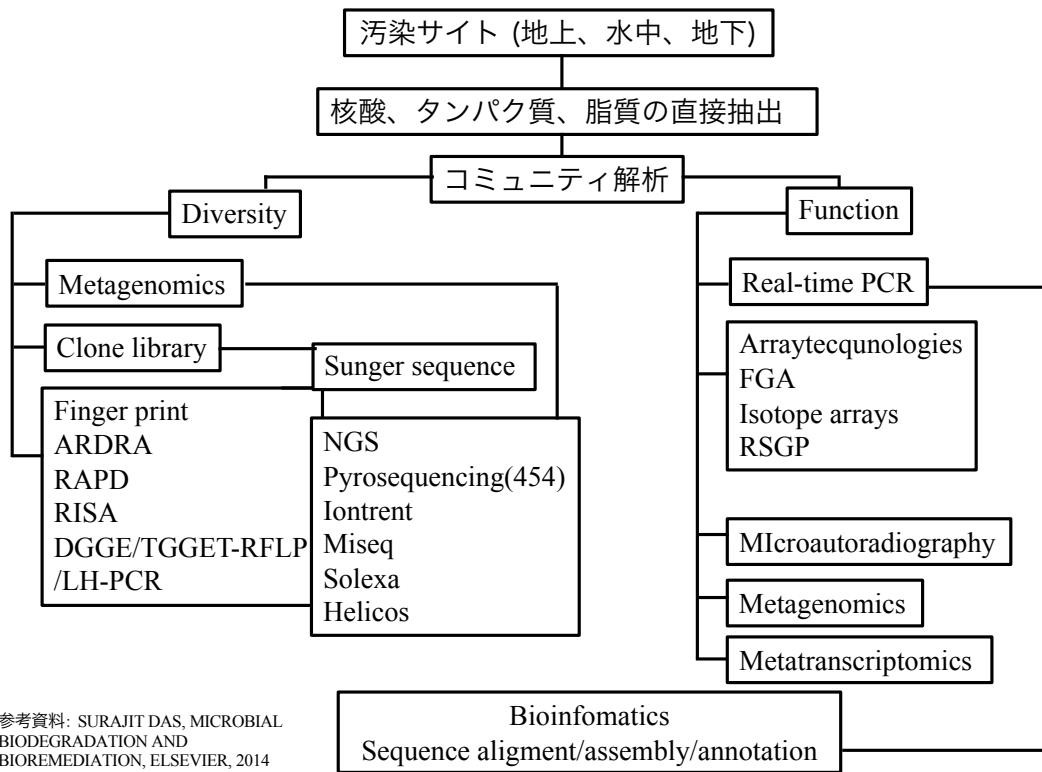


図3. 微生物コミュニティの構造解析・機能解析の手法

表 1. 日本における水環境行政の歴史

年	出来事	年	出来事
1891	国会で足尾問題を討議	1987	第二次総量削減基本方針の策定
1897	足尾銅山鉍毒調査会を設置	1989	トリクロロエチレン、テトラクロロエチレンにかかる規制基準設定 水質汚濁防止法の改正(地下水汚染の未然防止等を制度化)
1948	農業取締法制定	1990	水質汚濁防止法の改正(生活排水対策の制度化) 第三次総量削減基本方針の策定
1949	鉍山保安法制定 東京都公害防止条例制定	1991	関東平野北部地盤沈下防止等対策要綱制定 土壌の汚染にかかる環境基準の設定
1956	水俣保健所・奇病発見 工業用水法制定	1993	水質環境基準健康項目の拡充 環境基本法の制定
1958	水質保全法・工場排水規制法制定 下水道法制定	1994	特定水道利水障害の防止のための水道水源水域の水質保全に関する特別措置法の制定 土壌環境基準項目の拡充
1961	水島海域に異臭魚問題発生 建築物用地下水採取の規制に関する法律制定	1996	水質汚濁防止法の改正(地下水汚染土壌対策、 事故時の油による汚染対策を制度化) 第四次総量削減基本方針の策定
1965	衆参両院に公害対策特別委員会に設置 阿賀野川(新潟)第二水俣病の表面化	1997	地下水の水質汚濁にかかる環境基準設定
1967	公害対策基本法制定	1998	水質環境基準健康項目の拡充
1970	公害対策部設置 水質環境基準閣議決定 公害対策基本法の改正	1999	ダイオキシン類対策特別措置法制定 土壌・地下水汚染対策にかかる調査・対策指針策定

	水質汚濁防止法の制定 農用地の土壌の汚染防止等に関する法律の制定		
1971	環境庁発足 中央公害対策審議会発足	2000	瀬戸内海の環境の保全に関する基本計画の変更 (藻場・彼潟の保全策の追加)
1972	瀬戸内海の大規模赤潮発生による漁業被害の発生 水質汚濁防止法の改正	2001	環境省発足 第五次総量削減基本方針の策定
1973	瀬戸内海環境保全臨時措置法制定	2002	土壌汚染対策法制定 有明海および八代海を再生するための特別措置に関する法律制定
1978	瀬戸内海環境保全基本計画閣議決定 瀬戸内海環境保全特別措置法制定 水質汚濁防止法の改正	2003	有明海・八代海総合調査評価委員会発足 水質環境基準生活環境項目の拡充 (水生生物保全の観点からの環境基準)
1979	東京湾、伊勢湾および瀬戸内海における総量削減の基本方針の策定	2005	湖沼水質保全特別措置法の改正 (流出水対策、湖辺の環境保護対策の導入、第三次環境基本計画策定：環境保全上健全な水循環の確保に向けた取り組み)
1980	有機リン洗剤使用自粛要請	2009	水質汚濁にかかる環境基準項目の追加・変更
1981	瀬戸内海の環境保全に関する府県計画策定	2013	環境基本法への放射性物質の追加
1984	湖沼水質保全特別措置法の制定 湖沼にかかる窒素、リンの規制基準設定		
1985	濃尾平野、筑後・佐賀平野地盤沈下防止等対策要綱決定		

第2章 RHA1株を用いたTCE/cDCE汚染土壌におけるバイオレメディエーションに伴う導入微生物の挙動と土壌微生物叢の変化

2.1 緒言

近年、塩素化エチレンによる土壌・地下水汚染が問題となっている。この浄化のために、土壌微生物叢への影響が少なく迅速に汚染化合物を除去できる方法の開発に注目が集まっている。塩素化エチレンは低濃度で広範な汚染であることが多いため、この除去には微生物を用いたバイオレメディエーションが適している。バイオオーグメンテーションは、バイオレメディエーションの方法のひとつであり、微生物のコンソーシアや特異的な微生物の導入により汚染化合物を除去する方法である。本手法は、バイオスティミュレーションに比べてコストが低く、処理期間も短いという利点がある(28, 29)。バイオオーグメンテーションでは、嫌気性細菌および好気性細菌の両方を使用することができる。嫌気性細菌は塩素化エチレンから1個ずつ塩素を除去していく還元的脱塩素化(RD)により塩素化エチレンをエタンなどの無毒な化合物へと分解する。主に、*Dehalobacter*、*Dehalococcoides*、*Desulfitobacterium*、*Desulfuromonas*、*Dehalogenimonas*、*Geobacter* および *Sulfurospirillum* などがこの目的のために使用されている(21)。これまでに、予め培養された *Dehalococcoides* 属細菌を含む嫌気性細菌のコンソーシア KB-1[®] を TCE に汚染された地下水に導入することによって TCE をエタンに分解した報告がある(30)。他の研究では、*Dehalobacter* sp. FL2、BAV1 および GT 株を栄養成分と一緒に導入することによって 17 週間で TCE を完全に分解した(31)。Adetutu らは、TCE で汚染された地下水に *Dehalococcoides* を導入して RD プロセスによって野外バイオレメディエーションを行ったことを報告した(14)。さらに他の研究では *Dehalobacter* と *Dehalococcoides* からなるコンソーシアを 1, 1, 1-トリクロロエタン(TCA) と クロロエテンで汚染された地下水に注入するバイオオーグメンテーションを実施した(32)。

これらの TCE 分解微生物は原位置のバイオオーグメンテーションを実施する上で、非常に有用であったが、嫌気性細菌であるために TCE/*c*DCE の分解に伴って有害な VC が生成されるという問題があった。VC の分解速度は TCE/*c*DCE の分解過程における律速であるため、VC による二次的な汚染が懸念されている (10, 33)。一方、好気性細菌は VC を生成しない点で優れている。そのため、好気性細菌はバイオオーグメンテーションを行う上で、より魅力的な選択である。*Rhodococcus jostii* RHA1 (RHA1 株) は、 γ -hexachlorocyclohexane 汚染サイトから単離された好気性細菌であり、ガソリンの成分や高塩素化エチレン類である PCB や TCE など幅広い有機物を分解することが可能である。RHA1 株は、線形プラスミドである plasmid 1 (1,100 kb)、plasmid 2 (450 kb) および plasmid 3 (300 kb) を持っており、plasmid 1 は PCB 分解に関わる dioxxygenase genes (*bph*) を保有している。RHA1 株を用いることで、*c*DCE や VC などの有害な中間代謝産物を經由することなくバイオオーグメンテーションを実施することが可能である (26, 27, 34, 図 4)。

フィールドスケールでのバイオオーグメンテーションにおいては、除染の進度や処理期間をコントロールするための最適な方法を選択することが重要である。特に、導入した微生物が土壌微生物叢に与える影響や有害な微生物の増加、人の健康被害、水質の悪化などを引き起こすことが懸念されていることため、微生物による汚染化合物の分解進度と土壌微生物叢の変化の追跡も重要である。本研究では、RHA1 株を TCE/*c*DCE 汚染土壌に導入し、RHA1 株の土壌での挙動と TCE/*c*DCE の分解への寄与を検討した。この際、バイオオーグメンテーションによる汚染土壌中の土壌微生物叢への影響をメタゲノム・メタトランスクリプトーム解析を組み合わせたマルチオミクス解析により解析することを試みた。その結果、導入した RHA1 株が TCE/*c*DCE 分解に寄与していることが明らかとなった。さらに RHA1 株の導入により土壌微生物叢が大きく変化したことも示された。また、導入後 6 日目以降は *Dehalococcoides* と *Geobactor*

が TCE/cDCE の分解に寄与することが明らかとなった。マルチオミクス解析の結果、RHA1 の TCE/cDCE 分解酵素遺伝子が導入後 0 日目で高発現していることも明らかとなった。

2.2 材料と実験方法

2.2.1 汚染土壌の物性

バイオオーグメンテーションのサイトは TCE/cDCE に汚染された建設会社の化学工場の敷地を用いた。図 5 は井戸の模式図である。2 個の注入井戸 (E1, E4) と 6 個の観測井戸 (M1-3, M10-13) を設置した。E1 井戸は、コンクリート煉瓦 (GL 0.0 m ~ -2.5 m)、細砂 (GL -2.5 m ~ -5.0 m)、中粒砂 (GL -5.0 m ~ -7.0 m)、砂利 (GL -7.0 m ~ -8.0 m)、粗砂 (GL -8.0 m ~ -9.0 m) とシルト (-9.0 m 以下) で構成されていた。E4 は、コントロール井戸とした。これらの井戸は 2 m × 2 m の鋼矢板で囲まれていた (図 5)。

2.2.2 細胞培養と井戸への導入・地下水の回収

RHA1 株は、30°C、64 h で 150 L の LB 培地を用いてファーメンターで培養を行った。20°C、10 min、5000 rpm で遠心して菌体の回収を行い、10 mM リン酸緩衝液 (pH 7.5) で洗浄した。洗浄した RHA1 株は、7 L の同緩衝液に懸濁した (1.0×10^{14} cells)。この細胞濃縮液を E1 井戸に曝気した水と一緒に導入した。加えて、E4 井戸には曝気した水を 2.0 kL/h の速度で導入した (図 5)。E1、E4 井戸から地下水サンプル 2 L を導入前 30 日目、導入後 0 日目、1 日目、6 日目、19 日目、54 日目で回収した。回収した地下水は 10 min、4°C、10,000 rpm で遠心し、ペレットを回収後、-80°C で保存した (図 6)。

2.2.3 物理化学パラメーターの解析

物理化学パラメーターは、Miura *et al.* (35)が記載している手順に従い測定した。16S rRNA 遺伝子のコピー数は、Ritalahti *et al.* (36)が記載している方法に従って定量した。RHA1株の *etbAc* 遺伝子のコピー数は、Light Cycler 96を用いて定量PCRで算出した (Roche, Basel, Switzerland)。プライマーには、052-Fw (5'-CGTTTGTGCTGTGTGGATGAA -3')と 143-Rv (5'-TCGCCGACCCGGTATG -3')を用いた。プローブには、(5'-FAM-AAAACCTgTCgCgCTgAACCCACC-TAMRA-3')を用いた。各々の 20 μ L 反応溶液は、6 μ L 滅菌水、10 μ L THUNDERBIRD Prove qPCR Mix (TOYOBO, Osaka, Japan)、1 μ L 052-Fw primer (4 μ M)、1 μ L 143-Rv primers (4 μ M)、1 μ L probe (4 μ M)と抽出されたDNA 1 μ Lを混合して調製した。PCRは、95°C-60 s、95°C-15 s、52°C-60 sを50サイクルで実施した。

2.2.4 DNA、RNA、cDNAの調製

2.2.2で得られたペレット (0.5 g)を 200 μ l の滅菌水に懸濁してLysing Matrix E (MP-Biomedicals, Santa Ana, CA)に移した。DNAは、Fast DNA Spin Kit for soil (MP-Biomedicals)を用いて付属のプロトコールに従い抽出した。DNAの品質は、Qubit® dsDNA HS assay kit (Invitrogen, Grand Island, NY)とQubit® 2.0 Fluorometer (Invitrogen)を用いて確認した。RNAは、Fast RNA Spin Kit for soil (MP-Biomedicals)を用い付属のマニュアルの方法に従い抽出した。得られたRNAは、RNeasy Mini kit (Qiagen, Hilden, Germany) を用いて精製した。RNA サンプルは、DNase I (Takara Bio, Shiga, Japan) を用いて処理した後、エタノール沈殿を行い、DNAを除去した。RNAの品質は、Qubit® dsRNA HS assay kit (Invitrogen) と Agilent RNA 6000 Pico (Agilent, Palo Alto, CA)を用いて確認した。RNAは、Ribozero (Illumina, Inc., San Diego, CA)を用いて精製して Agilent RNA 6000 Pico (Agilent)を用いて純度を確認した。

2.2.5 メタゲノムシーケンス解析

メタゲノムシーケンスは、TruSeq DNA Sample Prep Kit v2 (Illumina, Inc.)を用いて行った。ライブラリーは、フラグメント長 325 bpになるように調製した。シーケンスは、HiSeq 1000 sequencerとTruSeq SBS Kit v3-HS (Illumina, Inc.)を用いて解析した。推定遺伝子のアノテーションは、MetaGenomics Rapis Annotation Subsystem Technology (MG-RAST) pipeline version 4.0を用いて行った (37)。このときの条件は、minimum alignment length 15 bp, minimum identity 60% および maximum E-value cut off 1.0×10^{-5} とした。また、各試料あたり300万リードを使用した。

Taxonomic analysisは、シーケンスの標準化の後、M5NR databaseを用いて実施した。微生物機能解析、Principal coordinates analysis (PCoA) および α -多様性は、MG-RASTにより解析した。

2.2.6 メタトランスクリプトーム解析

cDNAは、TruSeq DNA Sample Prep Kit v2-setA (Illumina, Inc.)とSuperScript III Reverse Transcriptase (Invitrogen)を用いて調製した。合成したcDNAのシーケンスは、HiSeq1000 (Illumina, Inc.)を用いて決定した(フラグメント長 325 bp)。トランスクリプトームは、R (ver.3.3.2)を用いて解析した。得られたDNA配列のRHA1株のゲノム (NC_008268.1, NC_008269.1, NC_008270.1, NC_008271.1)、*Geobacter lovleyi* SZ ゲノム (NC_01814.1, NC_010815.1)と*Dehalococcoides mccartyi* 195 ゲノム (NC_002936.3)へのマッピングはBioconductor package QuasR (2 bp mismatches) (38-40)を用いた。遺伝子あたりのマップされたリードのカウントは、QuasRのqCountを用いた。アノテーションデータは、Bioconductor package rtracklayer (34, 35)を用いてフォーマット化した。発現差異解析は、Bioconductor package DESeq2を用いて実施した (38, 39, 40)。階層クラス

タリングのために Deseq2の varianceStabilizingTransformation functionを用いてリードカウントデータを正規化した。

2.2.7 DNA のアクセッションナンバー

メタゲノムとメタトランスクリプトームの配列は、DDBJに登録した (DRA005882、DRA006583)。

2.3 結果

2.3.1 汚染土壌における物理パラメーターの変化

RHA1株を用いたバイオオーグメンテーションの効果を評価するためにE1井戸とE4井戸についてRHA1株の導入前30日から導入後54日目まで観察した(表2)。pHは、E1井戸で6.2(導入前30日)だったが、RHA1株を導入することで、6.8から7.2に変化した。ORPは、導入前30日には98 mVだったが、導入後0日目に181 mVに増加し、導入後54日目には-158 mVに減少した。ECは、導入前30日では99 mVであり、導入後0日目には25 mVに減少し、導入後54日目には80 mVに上昇した。DOは、導入前30日では0.0 mg/Lだったが、導入後0日目には5.8 mg/Lに上昇した(表2)。E1井戸のDOは、導入後1日目に0.3 mg/Lに著しく減少した。DOは、導入後6日目と導入後54日目の間において検出限界以下となった。DOCは導入前30日で5.7 mg/Lであり、導入後54日目において6.1 mg/Lに上昇した。全鉄の濃度は、導入前30日で10.4 mg/Lだったが、導入後0日目と導入後1日目では、それぞれ0.2 mg/Lと0.5 mg/Lに減少した。しかしながら、全鉄の濃度は導入後6日目、導入後19日目、導入後54日目において各々11.0 mg/L、15.5 mg/L、18.9 mg/Lに上昇した。*o*-phosphoric acid と ammonia nitrogenの濃度は、導入後54日目において処理前より高くなった。E1井戸におけるクロロエチレンの濃度の経時変化を図7A, B, Cに示した。E1井戸においてTCEと*c*DCEは導

入後 54 日目でそれぞれ 69.2% と 71.4% に減少した。続いて、VC の濃度は、導入後 6 日目で 2.0×10^{-3} mg/L、導入後 54 日目で 2.7×10^{-2} mg/L と著しく増加した。

E4 井戸において、pH は 6.3、6.7、6.6、6.4、6.4 および 6.4 (導入前 30 日目、導入後 0 日目、導入後 1 日目、導入後 6 日目、導入後 19 日目、導入後 54 日目、表 2)。ORP は、導入前 30 日目に 95 mV であったが、導入後 0 日目では 230 mV に上昇し、導入後 54 日目では 102 mV に低下した。EC と DOC の値は、導入後 54 日目において処理前より低くなった。DO は、導入前 30 日では 0.0 mg/L だったが、導入後 0 日目では 7.0 mg/L に上昇した。この値は 3.0 mg/L, 3.3 mg/L, 1.1 mg/L, 0.2 mg/L (導入後 1 日目、6 日目、19 日目、54 日目) と徐々に低下した。全鉄の濃度は、導入前 30 日目で 13.5 mg/L であったが、その後、導入後 0 日目で 0.6 mg/L と著しく低下し、その後、1.4、3.6、5.3、13.1 mg/L (導入後 1 日目、6 日目、19 日目、54 日目) と徐々に上昇した。*o*-phosphoric acid とアンモニア態窒素の濃度は、導入前 30 日目と導入後 54 日目を比較して大きな変化はなかった。TCE は導入後 54 日目において 60.0 % に低下した。*c*DCE は導入前 30 日目では 0.3 mg/L だったが、導入後 54 日目において 0.4 mg/L と上昇した。VC の濃度は、 1.0×10^{-3} mg/L (導入前 30 日) から 2.0×10^{-3} mg/L (導入後 54 日目) に上昇した (図 7A, B, C)。

培養した RHA1 株を導入した後、E1 井戸では全菌数は 1.5×10^7 copies/ml (導入後 0 日目) となった。全菌数は、時間の経過と共に減少していき 7.6×10^6 copies/ml (導入後 54 日目) となった (図 2A)。E1 井戸における RHA1 株の割合の経時変化は、図 2B にしめす。RHA1 株の菌数は、0.0 copies/ml (導入前 30 日目) から 2.2×10^7 copies/ml (導入後 0 日目) に増加した。そして、 1.9×10^4 copies/ml (導入後 54 日目) に減少した。対照的に、*Dehalococcoides* の菌数は、7.8 copies/ml (導入前 30 日目) から 4.8×10^3 copies/ml (導入後 54 日目) に増加した (図 8 A, B, C)。

E4 井戸では、全菌数は 5.8×10^5 copies/ml (導入前 30 日目) であり、この値は 3.2×10^5 、 1.1×10^4 、 8.2×10^4 、 8.3×10^3 、 2.9×10^3 copies/ml (導入後 0 日目、1 日目、6 日目、19 日目、54 日目) となり時間の経過と共に減少した (図 8A, B, C)。RHA1 株の菌数は、導入前 30 日目 から導入後 19 日目の試料を qPCR により定量できたが、導入後 54 日目のサンプルでは検出できなかった。*Dehalococcoides* の菌数を qPCR により定量したところ、導入前 30 日目 から導入後 6 日目のサンプルではわずかに検出できたが、導入後 19 日目 から導入後 54 日目のサンプルにおいては検出できなかった (図 8A, B, C)。*Geobacter* の菌数は qPCR では確認しなかった。

以上のことから、RHA1 株と酸素の導入直後～6 日目までは好气的状態で RHA1 株による TCE/cDCE の分解が進行し、6 日目以降は嫌気状態へと土壤の環境が移行したことにより *Dehalococcoides* 属細菌による分解が進行したことが示された。

2.3.2 ホールゲノムショットガンシーケンスによる微生物コミュニティの解析

メタゲノム解析によって、E1 井戸においては *Proteobacteria* 門が RHA1 株の注入前において優占種だったことが示された (導入前 30 日、85.8%)。このとき、*Betaproteobacteria* (73.9%) が *Proteobacteria* 門の過半数を占めていた。属レベルでは、*Acidovorax* 属 (14.5%)、*Polaromonas* 属 (9.6%)、*Albidiferax* 属 (9.2%) であった (図 9A, B, 表 3, 4, 5, 表 S1)。RHA1 株を導入後、*Actinobacteria* 門が優占種となっていた (84.1%-導入後 0 日目、72.5%-導入後 1 日目、71.3%-導入後 6 日目、40.3%-導入後 19 日目)。属レベルでは、*Rhodococcus* 属が *Actinobacteria* 門において優占種であり、76.6%、65.8%、64.4% および 34.9% となった (導入後 0 日目、1 日目、6 日目、19 日目、表 S3)。

Firmicutes 門は 13.8% (導入後 0 日目) から 18.9% (導入後 1 日目) へと増加した。そして、5.0% (導入後 6 日目)、8.7% (導入後 19 日目) に減少した。属レベルで

は、 *Firmicutes* 門の中で *Bacillus* 属が導入後 0 日目と導入後 1 日目において優占種であった。 *Geobacter* 属の菌数は、1.5% (導入前 30 日) から 0.0% (導入後 0 日目) へと減少し、その後、5.8%、22.6% (導入後 6 日目、導入後 19 日目) へと増加した。さらに、 *Dehalococcoides* 属の菌数は、0.4% (導入前 30 日) から 0.0% (導入後 0 日目、導入後 1 日目) へと減少した。そして、0.0% (導入後 6 日目)、0.1% (導入後 19 日目) へと増加した (data not shown)。以上の結果から、RHA1 株の導入直後に土壤微生物叢は大きく変化することが示された。

2.3.3 PCoA 解析による微生物叢の遷移

PCoA 解析によって、導入前 30 日と導入直後の微生物構造を比較した際、大きく構造が異なることが示された。以上のことから、E1 井戸における微生物叢が RHA1 株の導入後に著しく変化したことが明らかになった (図 10)。また、この解析によって微生物叢が導入前 30 日と導入後 19 日目では大きくことなっていたことから、RHA1 株は、環境中の微生物叢を変化させる働きを持つことが示された。

α -多様性は、246 (導入前 30 日)、6 (導入後 0 日目)、11 (導入後 1 日目)、14 (導入後 6 日目)、61 (導入後 19 日目) であった (表 6)。 α -多様性は RHA1 株を導入した後、減少したが時間の経過に伴って増加した (表 6)。このことから、RHA1 株の導入により微生物叢や α 多様性が大きく変化することが明らかとなった。

2.3.4 微生物叢の機能解析

メタゲノムショットガンシーケンスを用いて土壤微生物群の機能の予測を行い、TCE/cDCE に汚染された地下水における微生物の遺伝的ポテンシャルと人工的な化学物質の生分解性と KEGG による機能的アノテーションを評価することを試みた。その結果、予め培養した RHA1 株を E1 井戸に導入した後、芳香族化合物を代謝する機能

遺伝子が 1.8% (導入前 30 日) から 7.0% (導入後 0 日目) に増加したことが明らかとなった。Dormancy と Sporulation に関わる遺伝子は 0.1% (導入前 30 日) から 0.6% (導入後 0 日目) に増加した。これらの結果から、RHA1 株の導入によって、微生物コミュニティ全体の機能が変化することが示された (表 7, 8)。

2.3.5 TCE/cDCE 分解酵素遺伝子の発現解析

汚染サイトに導入された RHA1 株が分解微生物として E1 井戸中でどの時点で分解に寄与しているかを確認するため、汚染サイトから全 RNA を抽出して RNA シーケンシングすることによって、RHA1 株のプラスミド (plasmid 1, plasmid 2, plasmid 3) がコードする遺伝子の発現量を検証した (図 11、表 9)。芳香族化合物の分解酵素遺伝子は特に plasmid 1 にコードされている。これらの遺伝子発現レベルを確認するために、まず導入後 0 日目と導入後 1 日目のデータを pairwise comparisons 法を用いて解析した。その結果、27 遺伝子が有意に低い q value (false discovery data) < 0.1 を示した。次に、経時的に回収した 4 つの全 RNA の解析結果からこれら 27 遺伝子を抽出し、そのリード数を正規化したものを発現量の指標とし、ヒートマップ上に Z score として示した (図 11)。その結果、27 遺伝子の全てが導入後 1 日目以降、発現が低下していることが示された。27 遺伝子の中で *bphA1* (RS35885)、*bphA2* (RS35880)、*bphA3* (RS35875)、*bphA4* (RS35870)、*bphC1* (RS35865) は TCE/cDCE の分解に関与する酵素をコードすることが知られている。これらの遺伝子の発現量は環境中における TCE/cDCE の量の減少とともに低下した。これらの結果から、RHA1 株は井戸への導入後、直ちにこれらの分解酵素を生産して TCE/cDCE を分解し、その後、分解活性を低下させたことが予想された。

Geobacter loveleyi と *Dehalococcoides macfarlandii* 195 は、嫌気性の脱塩素化細菌であり環境中の TCE/cDCE の分解に重要な役割を有している (36, 37, 38)。 *G. loveleyi* のゲ

ノム塩基配列に対してマッピングされたメタトランスクリプトーム中の遺伝子のリードの数は、RHA1 株の導入後 0 日目、1 日目、6 日目、19 日目において、それぞれ 5、4、10572、16590 であった。同様に、*D. macarrtyi* 195 の遺伝子にマッピングされたリードの数は、29、158、417、962 (導入後 0 日目、1 日目、6 日目、19 日目) であった。得られたマッピングされたリード数は、これらの微生物による TCE/cDCE の分解活性の解析には十分ではなかったことから、これ以上のメタトランスクリプトーム解析は行わなかった。

2.4 考察

本研究のメタゲノム解析の結果、導入前 30 日目と比較した導入後 0 日目の RHA1 株の土壌における割合は 76.5% 増加したことから、RHA1 株が E1 井戸中で優占種となったことが明らかになった。また、RHA1 株のビフェニル分解酵素の遺伝子は、RHA1 株注入後、直ちに発現されたことから、初期の分解においては、これらが TCE/cDCE の分解を促進することが明らかとなった。

RHA1 株の導入前 30 日目と導入後 0 日目を比較した場合、*Bacillus* の割合も 8.5% 増加したことが確認された。それ以外に増えた微生物は、*Mycobacterium*、*Geobacillus*、*Paenibacillus* であった。*Bacillus* は TCE を唯一の炭素源として利用し、分解できることが報告されている (41)。*Mycobacterium vaccae* JOB5 は、TCE/cDCE/VC を分解できることが報告されている (42)。*Geobacillus* sp. Strain FW23 は、TCE/cDCE の分解経路の遺伝子をコードしていることが報告されている (43)。*P. kobensis*、*P. curdlanolyticus*、*P. wynnii* は、TCE 汚染土壌でも生育できることが確認されており、TCE の分解に関与している可能性が示されている (44)。以上の結果より、TCE/cDCE の分解には、導入した RHA1 株以外にも土着の微生物群が関与している可能性が示された。しかしながら、RHA1 株や *Bacillus* などの好気性細菌は導入後 6 日目以降の

TCE/cDCE の分解には関与していないと考えられる。なぜならば、導入後 6 日目までにこれらの好気性細菌は汚染物質の分解と自身の生育のために酸素を完全に消費してしまったため、この環境下では代謝を行うことができないと考えられるからである。

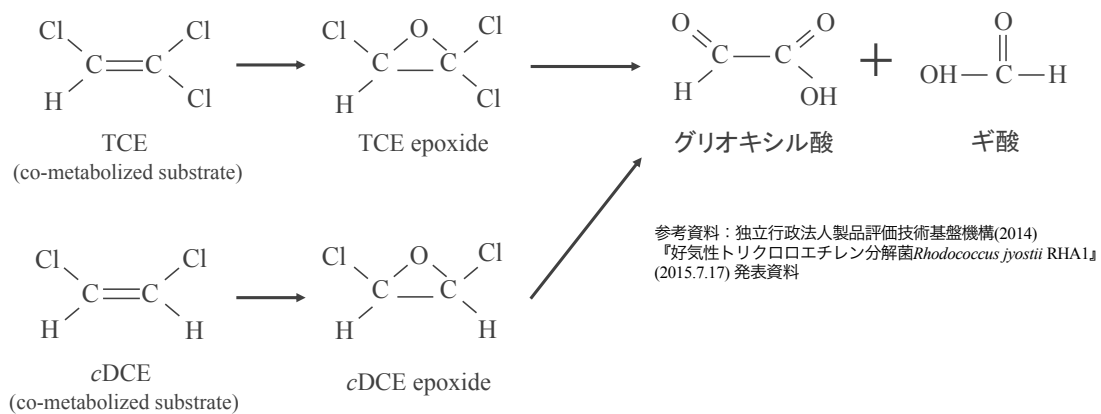
本研究では、メタトランスクリプトミクス解析を用いて RHA1 株の遺伝子発現の検証も行った。その結果、RHA1 株の導入後 0 日目で 27 種類の遺伝子が高発現することが示された。この中で特に注目すべきは、モノオキシゲナーゼおよびジオキシゲナーゼ遺伝子の発現である。好気性細菌による TCE/cDCE の分解は、TCE/cDCE エポキシドを経由してギ酸や二酸化炭素へと分解される (6)。これらのオキシゲナーゼは、TCE/cDCE を TCE/cDCE エポキシドへと変換することが報告されている (6, 45)。Xanthobacter sp. Py2 株は、アルケンモノオキシゲナーゼとエポキシダーゼを利用して TCE/cDCE のエポキシドを生産することが報告されている (46)。R. erythropolis BD2 および R.hodococcus sp.L4 では、イソプロピルベンゼン/トルエンジオキシゲナーゼが TCE の分解に関与していることが報告されている (6)。RHA1 株の場合、TCE/cDCE エポキシドの生成に関与する遺伝子は報告されていないが、基質としてトリクロサンの存在下でプロパン/アルカンモノオキシゲナーゼかビフェニルジオキシゲナーゼを発現することが報告されている (47)ことから、これらの酵素が、TCE/cDCE を好氣的に分解する可能性も考えられる。RHA1 株のゲノムは、203 種類のオキシゲナーゼをコードすると推定される遺伝子を有している。そのうち 7 種類のオキシゲナーゼをコードする *bphA1* (RS35885)、*bphA2* (RS35880)、*bphA3* (RS35875)、*bphA4* (RS35870)、*etbAc* (non-heme iron oxygenase ferredoxin subunit) と 2 種類のジオキシゲナーゼをコードする *bphC* (2, 3-dihydroxybiphenyl 1,2-dioxygenase) が本研究において導入後 0 日目で高発現していたことが確認された (48)。これらの結果からこれらの遺伝子群が TCE/cDCE の分解に関与していることを示すものである (図 12)。

RHA1 株の導入後 6 日目以降は、嫌気性細菌である *Geobacter* と *Dehalococcoides* に

より TCE/cDCE が VC へと変換されたと考えられた。これらの細菌の増殖も導入サイトにおいて確認された。これは、この期間において、導入サイトの化学的な環境が *Geobacter* と *Dehalococcoides* の生育および脱塩素化にとって最適な嫌気的な環境であったことを示す結果である。RHA1 株は溶存酸素を消費することによって ORP レベルを低下させ、嫌気的な状態を作ったと考えられる。さらに DOC、*o*-phosphoric acid、アンモニア態窒素と EC のレベルが RHA1 株の導入後 6 日目以降に増加した。これは地下水中の RHA1 株の死滅によりその細胞内物質が地下水中に溶出したためだと考えられる。RHA1 株による TCE/cDCE の分解において VC の蓄積はないことが報告されている。しかしながら、本研究における VC の濃度は導入後 6 日目から導入後 54 日目にかけて注入井戸においてわずかに上昇した。そして、導入後 54 日目において処理前の約 27 倍の VC が蓄積した。これは、上述の *Geobacter* と *Dehalococcoides* が嫌気的かつ RHA1 由来の細胞内物質を利用して増殖したことと一致する。微生物叢の系統解析に基づき、嫌気性微生物 *Geobacter* と *Dehalococcoides* を導入後 6 日目と導入後 19 日目において導入サイトにおいて検出した。これらの結果より、*Geobacter* は TCE から cDCE へと変換することに関わっており、*Dehalococcoides* は cDCE から VC へと分解することに寄与していると考えられる。先行研究において *Dehalococcoides* spp.、*Dehalobacter* sp. と *G. lovleyi* strain SZ を用いて TCE のバイオオーグメンテーション中に VC の蓄積が確認されたことが報告されている (49)。

本研究では、RHA1 株の導入後 6 日目に TCE/cDCE の蓄積のリバウンド現象が確認された。この時期に VC が高蓄積したことは、これにより嫌気性細菌による TCE/cDCE の代謝が活性化していることを示すものである。また、E4 井戸においては導入後 6 日目～54 日目において VC の濃度が僅かに上昇していることから、土壤微生物が曝気水の影響により活性化して自然減衰（ナチュラルアテニュエーション）による分解が進んだと考えられる。

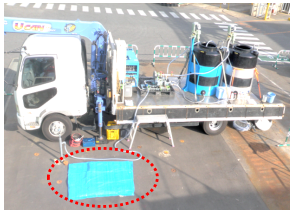
これらの知見をまとめると、TCE/cDCE の鍵となる脱塩素化微生物は主に導入後 1 日目までは RHA1 株 や *Bacillus* のような好気性細菌であり、導入後 6 日目以降は嫌気性細菌である *Geobacter* や *Dehalococcoides* に遷移したと考えられる。本研究は、RHA1 株の導入によって、これらの TCE/cDCE の代謝微生物以外の微生物の分布が変化するという興味深い知見が得られた。PCoA 解析の結果、RHA1 株の導入後 0 日目において E1 井戸における菌叢構成の著しい変化が確認された。 α -多様性は、RHA1 株導入直後の極端な微生物叢の変化の後、バイオオーグメンテーション期間を通して徐々に回復することが示された。先行研究において、TCE に汚染された土壤に酢酸と分解微生物 (*Dhalococcoides* FL2、BAV1、GT 株)の導入を行った際に、土壤微生物の構成が処理前とは著しく異なることが確認されている (14)。この研究の場合は、導入した分解微生物群は優占種にならず、 ϵ -*Proteobacteria*, γ -*Proteobacteria* が優占種となった。しかし、qPCR の結果 *Dehalococcoides* は処理前に比べて 50 倍に増加していることが確認されており、全ての TCE の分解が進行したことが報告されている。本研究では、分解菌を導入することにより大きく土壤の菌叢が変化したことは、この先行研究と同様であった。しかし、導入された RHA1 株が優占種となり、TCE/cDCE 分解を促進していることは、異なる点である。この原因は不明であるが、導入した菌の好気性・嫌気性の違いが両者の導入による化学的環境の違いを生み出したためである可能性が考えられる。今後、メタゲノム解析による微生物叢の変化の知見が積み重なることによって、この検証が可能となるだろう。



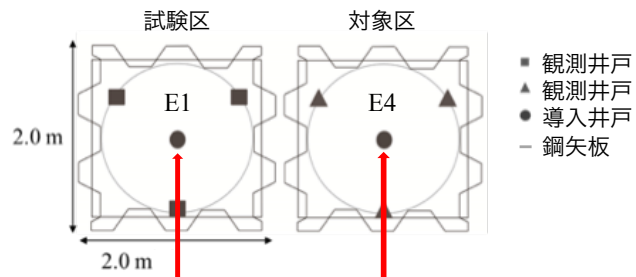
RHA1株のTCE/cDCE 分解において、有害代謝産物である塩化ビニル (VC)は生じない

図4. RHA1株の推定される TCE/cis-1,2-DCE 分解経路

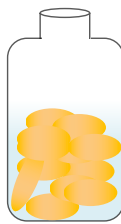
TCE/cDCE 汚染区域
-現場写真-



サンプリング区域模式図



Rhodococcus jostii RHA1
と酸素をE1井戸へ導入
(約 1.0×10^{14} cells)



曝気水を導入



図5. バイオオーグメンテーション実施現場及び実験方法

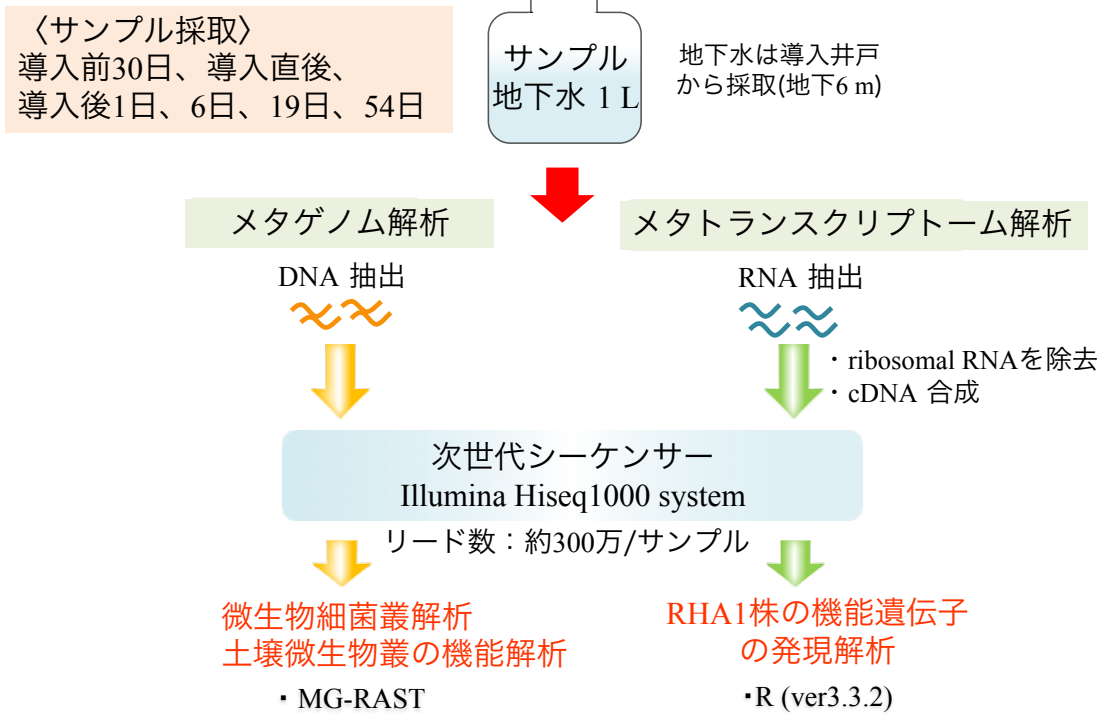


図6. 土壌微生物叢解析と機能遺伝子の発現解析

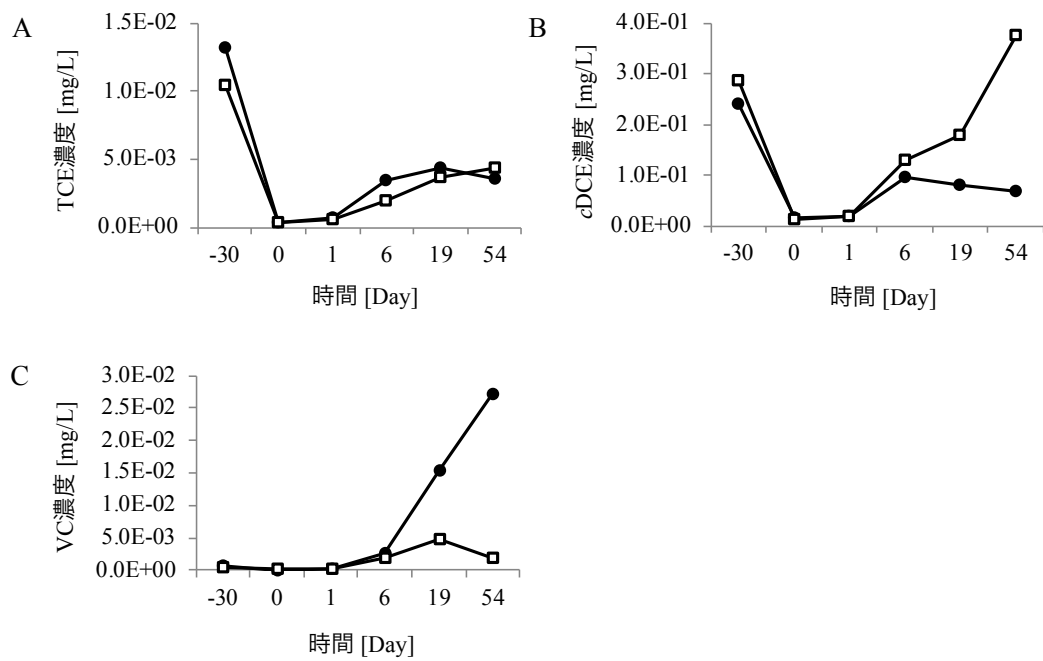


図7. E1井戸とE4井戸における TCE, DCEおよびVCの経時変化
 Closed circles; E1 well、opened squares; E4 well

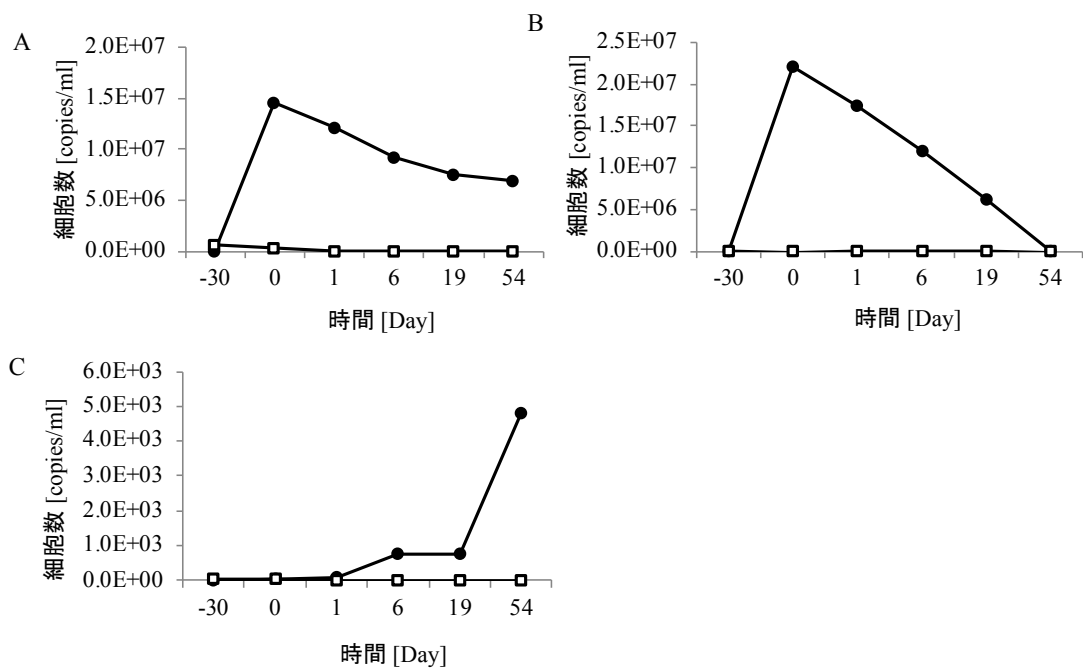


図 8. バイオオーグメンテーション中のE1井戸とE4井戸における菌数の経時変化
 (A) 全菌数, (B) RHA1株の菌数 および (C) *Dehalococcoides* の菌数
 Closed circles; E1 well、opened squares; E4 well

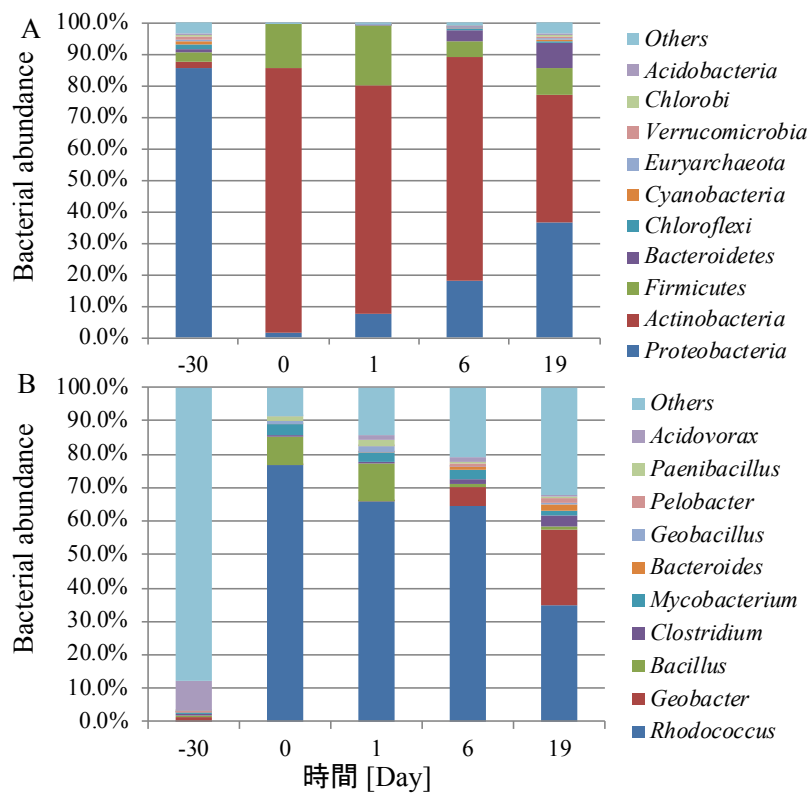


図9. E1井戸における微生物叢の分布 (A) phylum, (B) genus

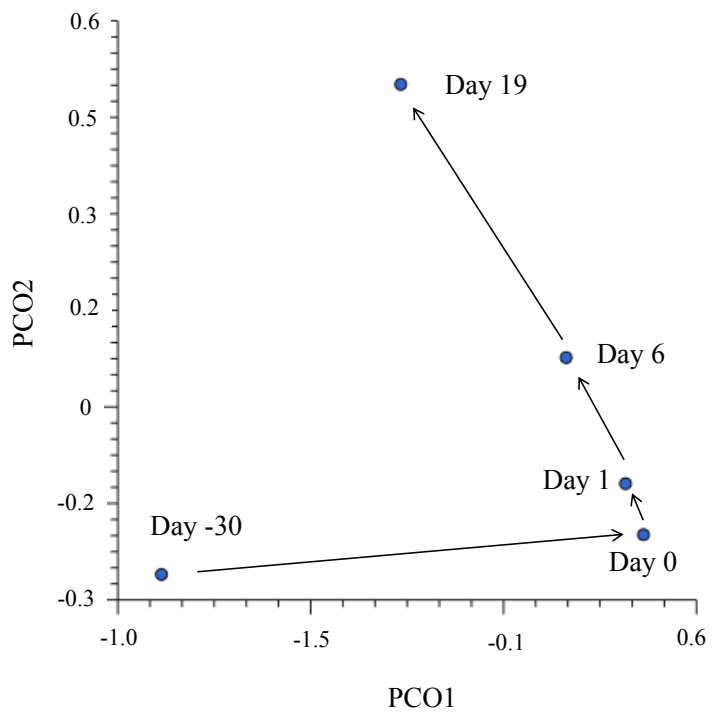


図10. E1井戸におけるMG-RASTによるPCoA 解析

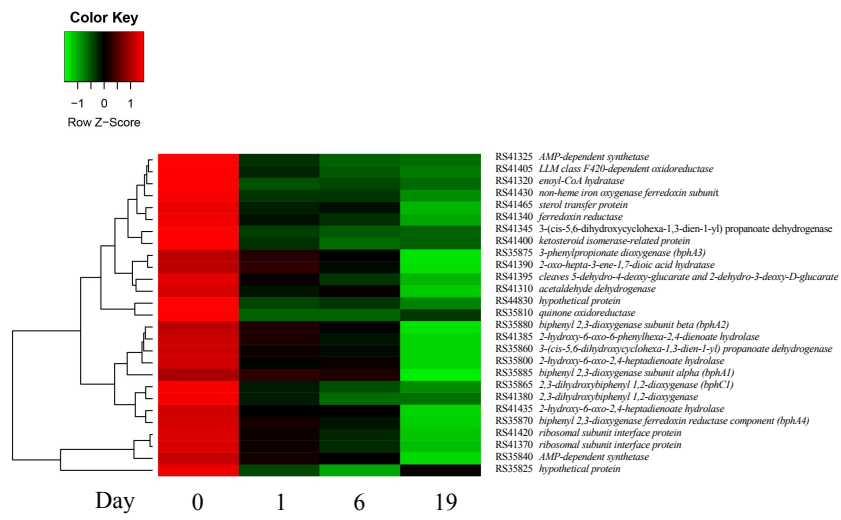


図11. RHA1株のTCE/cDCEの分解に関する酵素遺伝子発現の比較解析

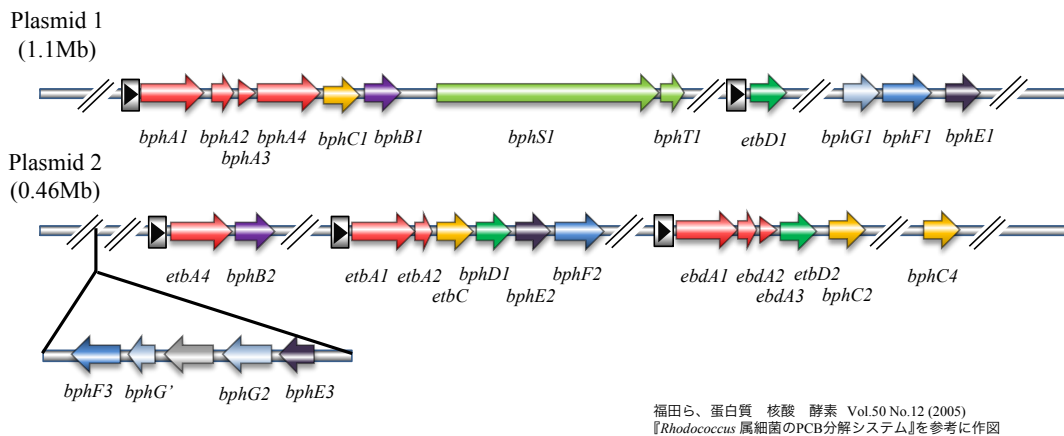


図12. RHA1株の plasmid 1及び plasmid 2上のビフェニル/PCB 分解遺伝子の配置

表 2. E1 井戸および E4 井戸の地下水の物性

井戸	注入後 [Day]	温度 [°C]	pH	ORP [mV]	EC [mV]	DO [mg/L]	DOC [mg/L]	全鉄 [mg/L]	<i>o</i> -phosphoric acid [mg/L]	ammonia nitrogen [mg/L]
E1	-30	22.5	6.2	98	99	0.0	5.7	10.4	0.0	0.5
	0	19.0	7.2	181	25	5.8	7.4	0.2	0.4	1.1
	1	21.3	6.9	58	30	0.3	3.0	0.5	0.2	0.6
	6	22.7	6.9	-142	44	0.0	9.4	11.0	0.4	2.6
	19	22.0	6.8	-157	69	0.0	11.4	15.5	1.1	4.1
	54	20.0	6.8	-158	80	0.0	6.1	18.9	0.5	5.0
E4	-30	22.3	6.3	95	90	0.0	6.2	13.5	0.1	0.6
	0	16.5	6.7	230	24	7.0	2.2	0.6	0.0	0.0
	1	21.0	6.6	89	26	3.0	2.2	1.4	0.0	0.1
	6	22.3	6.4	135	37	3.3	3.1	3.6	0.0	1.2
	19	21.8	6.4	60	50	1.1	5.5	5.3	0.0	0.3
	54	19.2	6.4	102	68	0.2	4.8	13.1	0.0	0.3

表 3. MG-RAST を用いた phylum レベルでの微生物分布

Organism / Phylum	微生物分布 [%]				
	Day -30	Day 0	Day 1	Day 6	Day 19
<i>Actinobacteria</i>	1.6	84.1	72.5	71.3	40.3
<i>Firmicutes</i>	3.3	13.8	18.9	5.0	8.7
<i>Proteobacteria</i>	85.8	1.6	7.6	18.0	36.7
<i>Bacteroidetes</i>	1.1	0.1	0.3	3.7	8.1
<i>Cyanobacteria</i>	1.0	0.1	0.1	0.2	0.7
<i>Euryarchaeota</i>	0.9	0.1	0.1	0.2	0.6
<i>Chloroflexi</i>	1.3	0.1	0.1	0.2	0.4
<i>Verrucomicrobia</i>	0.6	0.0	0.0	0.1	0.4
<i>Chlorobi</i>	0.5	0.0	0.0	0.2	0.6
<i>Acidobacteria</i>	0.5	0.0	0.0	0.2	0.5
<i>Others</i>	3.5	0.2	0.4	1.0	3.1

表 4. *Proteobacteria* (class、genus レベル)の微生物多様性の変化
 (A) Class, (B) Genus of β -*Proteobacteria*

A

Organism / Class	微生物分布 [%]				
	Day -30	Day 0	Day 1	Day 6	Day 19
<i>α-proteobacteria</i>	8.4	26.8	11.1	6.3	5.1
<i>β-proteobacteria</i>	73.9	31.9	71.8	41.7	11.1
<i>δ-proteobacteria</i>	5.6	8.0	2.8	41.5	75.1
<i>ϵ-proteobacteria</i>	1.7	1.8	0.7	0.7	0.8
<i>γ-proteobacteria</i>	10.2	31.1	13.4	9.6	7.7
<i>ζ-proteobacteria</i>	0.1	0.1	0.0	0.0	0.1
<i>unclassified (derived from Proteobacteria)</i>	0.2	0.3	0.1	0.1	0.1

B

Organism / Genus	微生物分布 [%]				
	Day -30	Day 0	Day 1	Day 6	Day 19
<i>Acidovorax</i>	14.5	4.1	24.5	20.4	10.7
<i>Polaromonas</i>	9.6	5.1	8.9	5.8	8.7
<i>Albidiferax</i>	9.2	2.8	5.2	5.4	9.7
<i>Thiobacillus</i>	7.4	0.7	0.9	0.7	1.3
<i>Burkholderia</i>	4.7	28.3	6.0	6.2	10.3
<i>Dechloromonas</i>	4.3	5.5	1.9	11.4	5.2
<i>Cupriavidus</i>	2.9	11.1	3.5	3.4	4.5
<i>Aromatoleum</i>	2.8	2.7	2.3	2.2	2.4
<i>Verminephrobacter</i>	2.6	5.1	4.3	3.5	2.7
<i>Variovorax</i>	2.6	0.8	2.3	1.5	2.5
<i>Others</i>	39.5	33.7	40.2	39.5	42.0

表 5. 微生物分布の変化 (Genus level)

Organism / Genus	微生物分布 [%]				
	Day -30	Day 0	Day 1	Day 6	Day 19
<i>Rhodococcus</i>	0.1	76.6	65.8	64.4	34.9
<i>Geobacter</i>	1.5	0.0	0.0	5.8	22.6
<i>Bacillus</i>	0.3	8.8	11.6	0.9	0.7
<i>Clostridium</i>	0.4	0.4	0.5	1.5	3.4
<i>Mycobacterium</i>	0.2	3.1	2.7	2.7	1.6
<i>Bacteroides</i>	0.1	0.0	0.0	0.9	2.0
<i>Geobacillus</i>	0.1	1.4	2.0	0.2	0.1
<i>Pelobacter</i>	0.3	0.0	0.0	0.7	1.7
<i>Paenibacillus</i>	0.1	1.1	1.6	0.4	0.2
<i>Acidovorax</i>	9.2	0.0	1.3	1.5	0.4
<i>Others</i>	87.6	8.7	14.4	20.9	32.2

表 6. E1 井戸におけるメタゲノム情報に基づく α -diversity (MG-RAST)

井戸	Day	α -diversity
E1	-30	246
	0	6
	1	11
	6	14
	19	61

表 7. E1 井戸における MG-RAST を用いたメタゲノム情報に基づく機能解析 (subsystem/level1)

Subsystem/level1	分布 [%]				
	Day -30	Day 0	Day 1	Day 6	Day 19
Amino Acids and Derivatives	9.6	12.3	11.8	12.0	10.9
Carbohydrates	10.1	14.7	14.0	14.3	12.3
Cell Division and Cell Cycle	0.9	0.7	0.7	0.6	0.8
Cell Wall and Capsule	4.3	2.5	2.7	3.0	3.9
Clustering-based subsystems	11.9	11.3	11.7	11.0	11.5
Cofactors, Vitamins, Prosthetic Groups, Pigments	5.5	5.4	5.4	5.4	5.4
DNA Metabolism	4.6	3.6	3.7	3.6	4.3
Dormancy and Sporulation	0.1	0.6	0.8	0.2	0.2
Fatty Acids, Lipids, and Isoprenoids	2.6	4.4	4.1	4.0	2.9
Iron acquisition and metabolism	0.5	1.3	1.3	1.0	0.7
Membrane Transport	3.9	2.9	3.3	2.9	3.4
Metabolism of Aromatic Compounds	1.8	7.0	6.2	6.0	2.8
Miscellaneous	5.9	5.4	5.5	5.4	5.7
Motility and Chemotaxis	2.2	0.4	0.6	0.7	1.5
Nitrogen Metabolism	2.7	1.7	1.7	1.9	1.7
Nucleosides and Nucleotides	3.0	2.8	2.9	2.7	2.9
Phages, Prophages, Transposable elements, Plasmids	0.9	0.9	0.9	0.9	1.0
Phosphorus Metabolism	1.2	0.9	1.0	0.9	1.1
Photosynthesis	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Potassium metabolism	0.5	0.5	0.4	0.5	0.6
Protein Metabolism	9.2	5.7	6.0	6.6	8.6
RNA Metabolism	4.4	2.3	2.6	2.7	3.7
Regulation and Cell signaling	1.1	0.7	0.8	0.8	1.0
Respiration	5.5	4.8	4.7	5.1	5.7
Secondary Metabolism	0.1	0.6	0.5	0.5	0.3
Stress Response	2.5	3.2	2.9	2.9	2.4

Subsystem/level1	分布 [%]				
	Day -30	Day 0	Day 1	Day 6	Day 19
Sulfur Metabolism	1.2	1.5	1.3	1.3	1.0
Virulence, Disease and Defense	3.8	2.1	2.4	2.7	3.5

表 8. MG-RAST によるメタゲノム情報に基づく機能解析 (subsystem/level3-Aromatic compound)

Subsystem / level3	Abundance [%]				
	Day -30	Day 0	Day 1	Day 6	Day 19
4-					
Hydroxyphenylacetic_acid_catabolic_pathway	1.7	1.3	2.6	2.2	1.2
Acetophenone_carboxylase_1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
Anaerobic_benzoate_metabolism	11.9	4.6	5.7	5.2	6.2
Anaerobic_toluene_and_ethylbenzene_degradation	1.0	3.6	2.6	2.4	2.3
Aromatic_Amin_Catabolism	0.1	0.9	0.8	0.7	0.7
Benzoate_catabolism	3.9	0.0	1.1	2.2	1.3
Benzoate_degradation	0.6	0.0	1.1	2.4	1.2
Benzoate_transport_and_degradation_cluster	15.9	1.9	7.2	7.3	10.4
Biphenyl_Degradation	1.8	23.9	15.8	13.2	12.7
Catechol_branch_of_beta-ketoadipate_pathway	1.4	0.0	0.7	0.8	1.2
Central_meta-cleavage_pathway_of_aromatic_compound_degradation	5.6	33.3	23.7	21.4	21.6
Chloroaromatic_degradation_pathway	1.0	0.0	0.7	0.4	0.6
Chlorobenzoate_degradation	0.7	0.1	1.1	0.6	0.6
Cresol_degradation	0.0	1.8	1.3	1.5	1.9
Gentisate_degradation	3.5	0.0	1.7	1.4	1.8
Homogentisate_pathway_of_aromatic_compound_degradation	4.5	0.0	3.3	2.8	2.3
N-					
heterocyclic_aromatic_compound_degradation	2.6	0.0	0.5	1.3	1.8
Naphthalene_and_antracene_degradation	2.4	0.7	0.3	0.7	1.8
Phenol_hydroxylase	2.1	0.0	1.5	4.7	2.7

Subsystem / level3	Abundance [%]				
	Day -30	Day 0	Day 1	Day 6	Day 19
Phenylacetyl-CoA_catabolic_pathway_(core)	5.5	0.2	3.0	4.3	3.8
Phenylpropanoid_compound_degradation	10.6	3.8	3.7	3.3	4.6
Protocatechuate_branch_of_beta-ketoadipate_pathway	2.5	0.1	1.9	2.1	1.4
Quinate_degradation	0.4	0.0	0.3	0.1	0.1
Salicylate_and_gentisate_catabolism	2.1	0.2	1.2	1.1	1.2
Salicylate_ester_degradation	0.5	0.0	0.2	0.0	0.0
Toluene_4-monooxygenase_(T4MO)	0.1	0.0	0.0	0.1	0.7
Toluene_degradation	0.9	0.0	0.4	0.2	0.7
carbazol_degradation_cluster	0.4	0.0	0.6	1.3	0.2
n-Phenylalkanoic_acid_degradation	15.3	20.5	15.0	14.7	13.0
p-Hydroxybenzoate_degradation	0.9	3.0	1.9	1.6	2.0
p-cymene_degradation	0.0	0.2	0.2	0.1	0.0

表 9. R を用いたメタトランスクリプトーム解析

(A) Number of mapped and unmapped reads (B) Normalized count data

A

Day	Read	
	Mapped to RHA1	Unmapped to RHA1
0	3188381	152064301
1	2566747	151342423
6	8241127	124661225
19	757415	112266159

B

Read count (normalized : Deseq 2)

locus_tag	Read count				q.value	Function
	Day0	Day 1	Day 6	Day 19		
RS44830	11.7	2.6	2.8	2.0	0.1	hypothetical protein
RS35800	13.3	5.0	5.5	2.0	0.1	2-hydroxy-6-oxo-2,4-heptadienoate hydrolase
RS35810	10.0	2.0	2.0	2.4	0.1	quinone oxidoreductase
RS35825	8.2	0.7	0.4	1.4	0.1	hypothetical protein
RS35840	11.4	3.2	2.7	0.5	0.1	AMP-dependent synthetase
RS35860	13.4	6.2	5.5	2.4	0.1	3-(<i>cis</i> -5,6-dihydroxycyclohexa-1,3-dien-1-yl) propanoate dehydrogenase"
RS35865	13.7	7.1	6.4	5.5	0.1	2,3-dihydroxybiphenyl 1,2-dioxygenase biphenyl 2 3-dioxygenase
RS35870	13.7	7.2	6.2	3.3	0.1	ferredoxin reductase component
RS35875	13.0	5.7	4.8	1.4	0.1	3-phenylpropionate dioxygenase
RS35880	13.5	6.6	5.7	2.0	0.1	biphenyl 2,3-dioxygenase subunit beta
RS35885	15.1	8.7	8.3	2.4	0.1	biphenyl 2,3-dioxygenase subunit alpha
RS41310	11.9	3.5	4.3	1.4	0.1	acetaldehyde dehydrogenase
RS41320	11.7	4.1	4.3	3.8	0.1	enoyl-CoA hydratase
RS41340	12.2	5.1	4.6	3.1	0.1	ferredoxin reductase
RS41370	11.2	2.5	1.6	0.5	0.1	ribosomal subunit interface protein

locus_tag	Read count				q.value	Function
	Day0	Day 1	Day 6	Day 19		
RS41385	12.8	6.1	4.7	2.0	0.1	2-hydroxy-6-oxo-6-phenylhexa-2,4-dienoate hydrolase
RS41420	11.1	2.6	1.7	0.5	0.1	ribosomal subunit interface protein
RS41430	12.2	4.9	4.9	3.8	0.1	non-heme iron oxygenase ferredoxin subunit
RS41465	13.3	4.8	5.2	2.8	0.1	sterol transfer protein
RS41345	11.1	4.0	3.7	3.6	0.1	3-(<i>cis</i> -5,6-dihydroxycyclohexa-1,3-dien-1-yl) propanoate dehydrogenase
RS41380	12.9	6.6	5.4	5.3	0.1	2,3-dihydroxybiphenyl 1,2-dioxygenase
RS41325	11.4	4.7	4.1	4.0	0.1	AMP-dependent synthetase
RS41390	12.2	5.9	4.2	1.4	0.1	2-oxo-hepta-3-ene-1,7-dioic acid hydratase cleaves 5-dehydro-4-deoxy-glucarate and 2-dehydro-3-deoxy-D-glucarate
RS41395	11.1	4.4	3.4	2.0	0.1	
RS41400	10.4	3.6	2.9	3.1	0.1	ketosteroid isomerase-related protein
RS41405	11.2	4.6	4.0	3.6	0.1	LLM class F420-dependent oxidoreductase
RS41435	13.0	7.0	7.1	3.8	0.1	2-hydroxy-6-oxo-2,4-heptadienoate hydrolase

第3章 総括

本研究では、バイオオーグメンテーションを実施する際の問題点である導入した微生物の土壌での挙動と土壌微生物への影響を明らかにすることを試みた。また、好気性微生物を利用したバイオオーグメンテーションの実施に伴う持続的な汚染化合物の分解方法の戦略について新規の知見を得ることも試みた。

本研究において TCE/cDCE 汚染サイトに対して RHA1 株の導入を行った結果、導入した RHA 1 株が TCE/cDCE の分解に大きく貢献していることが明らかとなった。また、注入直後に RHA 1 株が優占種となり土壌微生物叢には劇的な変化が起こることも明らかとなった。さらに、時間の経過に伴う RHA1 株が死滅し、それに伴う RHA 1 株由来の栄養源の放出や土壌の還元状態への移行によって TCE/cDCE 分解能を持つ嫌気性細菌の土壌微生物の生育とそれによる汚染化合物の分解が活発化されることが示された。これまでの研究から、TCE/cDCE が完全に土壌から除去されればそれらの分解に関与する微生物群も死滅していくことが予想されたが、本研究においても同様であり、TCE/cDCE の濃度の低下に伴い土壌微生物叢が RHA1 株の導入前のそれへと回復することが明らかとなった。他の研究においては、土壌の TCE 濃度が 1 ppm を前後すると微生物叢が変化することが報告されている。即ち、すでに TCE 汚染が存在する土壌微生物叢は汚染される前の天然の土壌微生物叢とは異なっていると考えられる。従って、バイオオーグメンテーションを実施する際の土壌微生物叢への影響および回復の指標は、導入した微生物群の死滅だけでなく、導入に伴い増殖した土壌微生物群が死滅し汚染前のそれへと変化する点を考慮して評価をしていくことが重要だと考えられる。本研究は、この例を示すものとして重要な結果を与えたものである。

また、本研究では、その代謝の特性上、有害な代謝副産物である VC 等を生成しない RHA1 株を利用して TCE/cDCE 汚染の浄化を試みた。しかし、RHA1 株の導入によって土壌の酸素の欠乏が引き起こされることによって TCE/cDCE 分解に関与する嫌気性

細菌の活動が活発化され、有害な代謝副産物である VC が生成された。このことは、好気性細菌を利用したバイオオーグメンテーションの戦略を考え際にも、好気性微生物の生存や分解活動を行うために十分な酸素量を維持して嫌気性細菌の増殖を抑制することが有害な VC の発生を抑えるために重要だと考えられる。また、本研究では実施しなかったが、利用する好気性微生物の TCE/cDCE の分解様式に合わせてピルビン酸や乳酸等の成長基質の供給を行うことも大切であると考えられる。

本研究でも使用したマルチオミクス解析は、バイオレメディエーションサイトにおいて TCE/cDCE の分解における分解微生物群の挙動と役割（機能）を解析するために有用である。即ち、メタゲノム解析は、微生物の培養を伴わないため微生物の構成へのバイアスを低く抑えることができる点で、メタトランスクリプトミクス解析は、環境中に存在する多数の遺伝子の発現を網羅的に解析することができる点で有用である。また、これらを複合したマルチオミクス解析は、培養によるバイアスを受けることがないだけでなく、特定の遺伝子の発現のみに依存することなく土壤微生物全体の生態系を俯瞰的に捉えることが可能となる。本研究は、このようなマルチオミクス解析のバイオレメディエーションの追跡における有用性を示す例として意義のあるものである。

本研究では、解決すべき環境問題の一つである土壤・地下水汚染に焦点をあて、その汚染の浄化に関する研究を行った。塩素化エチレンを含む化学物質は、地球の物質循環の影響を受けて初めの汚染区域を超えて拡散するため、土壤、河川や海洋を問わず汚染区域を拡大させ続ける。また、汚染区域の拡大に伴い汚染源の特定が困難になることによって、汚染の浄化を実施する責任を持つ主体（個人、企業、国家等）が不明となることも問題となる。これまでの研究では、地球全体の有機化合物由来の汚染を物理処理および化学処理のみで浄化した場合の処理費用は約 50 兆円であると試算されており、これは 2018 年における日本の年間の国家予算の半分に相当する大規模な額で

ある。このように複雑かつ大規模化する環境問題を解決するためには、個人だけではなく国家間で社会構造や社会活動の在り方を大きく見直すことや生態系サービスの価値の涵養に努めるなどの多面的な取り組みが必要である。本研究は、こうした問題の解決のための一つのアプローチとして持続可能なバイオオーグメンテーション方法の開発のための新たな知見を提供するとともに、今後のバイオレメディエーション技術の更なる発展ための基盤となる貢献をするものである。

謝辞

本論文を書き上げるにあたり、博士後期課程3年次8月というイレギュラーな時期にも関わらず指導をして頂いた筑波大学大学院生命環境科学研究科 高谷直樹教授に心から感謝いたします。また、技術研修生として博士課程1年次より受け入れをして頂き、本研究を進めるにあたり有益なアドバイスをして下さった産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門 生物資源基盤研究グループの鎌形洋一博士および玉木秀幸博士にお礼申し上げます。そして、産業技術総合研究所 生物資源基盤研究グループの皆様感謝申し上げます。

最後に、私の博士課程4年間の生活を支えてくれた夫に感謝をいたします。

引用文献

1. 科学技術振興機構研究開発戦略センター、研究開発の俯瞰報告書環境分野(2017)
2. SURAJIT DAS, MICROBIAL BIODEGRADATION AND BIOREMEDIATION, ELSEVIER, 2014
3. 環境省、水・土壌環境行政のあらまし—きよらかな水・安心快適な土づくり—、平成18年
4. 環境省、平成29年度版 環境統計集
5. Shukla, A. K., Upadhyay, S. N. & Dubey, S. K. Current trends in trichloroethylene biodegradation: a review. *Crit. Rev. Biotechnol.* **8551**, 1–15 (2012).
6. Suttinun, O., Luepromchai, E. & Müller, R. Cometabolism of trichloroethylene: concepts, limitations and available strategies for sustained biodegradation. *Rev. Environ. Sci. Bio/Technology* **12**, 99–114 (2013).
7. International agency for research on cancer, List of classifications, volumes 1-122 (2018)
8. 財団法人 化学物質評価研究機構、CERI 有害性評価書、トリクロロエチレン (2006)
9. 製品評価基盤技術機構、化学物質の初期リスク評価書 No.37 (2005)
10. Kielhorn, J., Melber, C., Wahnschaffe, U., Aitio, A., and Mangelsdorf, I. Vinyl chloride: still a cause for concern. *Environ. Health Perspect.* **108**, 579-588 (2000).
11. Eder, E. Toxicology of C1–C3 chlorinated hydrocarbons. *Chemosphere* **23**, 1783–1801 (1991).
12. Gilbert, K. M. *et al.* Delineating liver events in trichloroethylene-induced autoimmune hepatitis. *Chem. Res. Toxicol.* **22**, 626–632 (2009).
13. Rusyn, I. *et al.* Trichloroethylene: Mechanistic, epidemiologic and other supporting evidence of carcinogenic hazard. *Pharmacol. Ther.* **141**, 55–68 (2014).

14. Adetutu, E. M. *et al.* Exploiting the intrinsic microbial degradative potential for field-based in situ dechlorination of trichloroethene contaminated groundwater. *J. Hazard. Mater.* **300**, 48–57 (2015).
15. 経済産業省、平成 13 年 化学工業統計年報(2002)、経済産業調査会、東京
16. NEDO、土壌汚染等修復技術開発 (事後評価) 分科会-参考資料 2、平成 13 年
17. Katayama, A. Microbial degradation of chlorinated organic compounds. *Bioscience*. **15**, 45–54 (2009).
18. Crane, R. A. & Scott, T. B. Nanoscale zero-valent iron: Future prospects for an emerging water treatment technology. *J. Hazard. Mater.* **211–212**, 112–125 (2012).
19. Heron, G., Lachance, J. & Baker, R. Removal of PCE DNAPL from tight clays using *in situ* thermal desorption. *Groundwater Monitoring & Remediation*. **33**, 31–43 (2013).
doi:10.1111/gwmr.12028
20. Perelo, L. W. Review: *In situ* and bioremediation of organic pollutants in aquatic sediments. *J. Hazard. Mater.* **177**, 81–89 (2010).
21. Frascari, D., Zanaroli, G. & Danko, A. S. *In situ* aerobic cometabolism of chlorinated solvents: A review. *J. Hazard. Mater.* **283**, 382–399 (2015).
22. Robles-González, I. V, Fava, F. & Poggi-Varaldo, H. M. A review on slurry bioreactors for bioremediation of soils and sediments. *Microb. Cell Fact.* **7**, 5 (2008).
23. 経済産業省、微生物によるバイオレメディエーション-利用指針適合確認状況 (2018)
24. Yang, X. *et al.* Genome sequence of *Rhodococcus* sp. strain R04, a polychlorinated-biphenyl biodegrader. *J. Bacteriol.* **193**, 5032–5033 (2011).
25. Iino, T., Wang, Y., Miyauchi, K., Kasai, D., Masai, E., et al. (2012) Specific gene responses of *Rhodococcus jostii* RHA1 during growth in soil. *Appl. Environ. Microbiol.*, **78**, 6954–

- 6962.
26. Seto, M. *et al.* Multiple polychlorinated biphenyl transformation systems in the gram-positive bacterium *Rhodococcus* sp. strain RHA1. *Appl. Environ. Microbiol.* **61**, 4510–4513 (1995).
 27. Iwasaki, T. *et al.* Characterization of two biphenyl dioxygenases for biphenyl/PCB degradation in A PCB degrader, *Rhodococcus* sp. strain RHA1. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **71**, 993–1002 (2007).
 28. Duba, A. G., Jackson, K. J., Jovanovich, M. C., Knapp, R. B. & Taylor, R. T. TCE remediation using in situ, resting-state bioaugmentation. *Environ. Sci. Technol.* **30**, 1982–1989 (1996).
 29. Tiehm, A. & Schmidt, K. R. Sequential anaerobic/aerobic biodegradation of chloroethenes— aspects of field application. *Curr. Opin. Biotechnol.* **22**, 415–421 (2011).
 30. Pérez-De-Mora, A., Zila, A., McMaster, M. L. & Edwards, E. A. Bioremediation of chlorinated ethenes in fractured bedrock and associated changes in dechlorinating and nondechlorinating microbial populations. *Environ. Sci. Technol.* **48**, 5770–5779 (2014).
 31. Patil, S. S. *et al.* Site-specific pre-evaluation of bioremediation technologies for chloroethene degradation. *Int. J. Environ. Sci. Technol.* **11**, 1869–1880 (2014).
 32. Scheutz, C., Durant, N. D. & Broholm, M. M. Effects of bioaugmentation on enhanced reductive dechlorination of 1,1,1-trichloroethane in groundwater: A comparison of three sites. *Biodegradation* **25**, 459–478 (2014).
 33. Chambon, J. C. *et al.* Review of reactive kinetic models describing reductive dechlorination of chlorinated ethenes in soil and groundwater. *Biotechnol. Bioeng.* **110**, 1–23 (2013).
 34. Hand, S., Wang, B. & Chu, K. H. Biodegradation of 1,4-dioxane: Effects of enzyme inducers and trichloroethylene. *Sci. Total Environ.* **520**, 154–159 (2015).

35. Miura, T. *et al.* The impact of injections of different nutrients on the bacterial community and its dechlorination activity in chloroethene-contaminated groundwater. *Microbes Environ.* **30**, 164–171 (2015).
36. Ritalahty, K. M., Amos, B. K., Sung, Y., Wu, Q., Koenigsberg, S. S., et al. Quantitative PCR targeting 16S rRNA and reductive dehalogenase genes simultaneously monitors multiple *Dehalococcoides* strains. *Appl. Environ. Microbiol.* **72**, 2765-3774 (2006).
37. Meyer, F. *et al.* The metagenomics RAST server – a public resource for the automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes. *BMC Bioinformatics* **9**, 386 (2008).
38. Langmead, B., Trapnell, C., Pop, M. & Salzberg, S. L. Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome. *Genome Biol.* **10**, (2009).
39. Lawrence, M., Gentleman, R. & Carey, V. rtracklayer: An R package for interfacing with genome browsers. *Bioinformatics* **25**, 1841–1842 (2009).
40. Love, M. I., Huber, W. & Anders, S. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biol.* **15**, 1–21 (2014).
41. Dey, K. & Roy, P. Degradation of trichloroethylene by bacillus sp.: Isolation strategy, strain characteristics, and cell immobilization. *Curr. Microbiol.* **59**, 256–260 (2009).
42. Wackett, L. P., Brusseau, G. A., Householder, S. R. & Hanson, R. S. Survey of microbial oxygenases: Trichloroethylene degradation by propane-oxidizing bacteria. *Appl. Environ. Microbiol.* **55**, 2960–2964 (1989).
43. Pore, S. D., Arora, P. & Dhakephalkar, P. K. Draft genome sequence of *Geobacillus* sp . strain FW23 , isolated from a formation water sample. *Genome Announc.* **2**, 9–10 (2014).
44. Mera, N. & Iwasaki, K. Use of plate-wash samples to monitor the fates of culturable bacteria in mercury- and trichloroethylene-contaminated soils. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* **77**, 437–445 (2007).

45. Furukawa, K. F. Oxygenases and Dehalogenases : Molecular approaches to efficient degradation of chlorinated environmental pollutants. *Biosci Biotechnol Biochem.* **70**, 2335–2348 (2006).
46. Ensign, S. A. Aliphatic and chlorinated alkenes and epoxides as inducers of alkene monooxygenase and epoxidase activities in *Xanthobacter* strain Py2. *Appl. Environ. Microbiol.* **62**, 61–66 (1996).
47. Lee, D. G. & Chu, K.-H. Effects of growth substrate on triclosan biodegradation potential of oxygenase-expressing bacteria. *Chemosphere* **93**, 1904–1911 (2013).
48. Mcleod, M. P., Warren, R. L., Hsiao, W. W. L., Araki, N., Myhre, M., et al. The complete genome of *Rhodococcus* sp. RHA1 provides insights into a catabolic powerhouse. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **103**, 15582-15587 (2006).
49. Amos, B. K. Spatial and temporal distributions of *Geobacter lovleyi* and *Dehalococcoides* spp . during bioenhanced PCE-NAPL dissolution. *Environ. Sci. Technol.* **43**, 1977–1985 (2009).

表 S1. 微生物分布の継時変化

(A) Phylum, (B) Class, (C) Order, (D) Family, (E) Genus, (F) Spices

A

Orgnism/phylum	Bacterial abundance[%]				
	Day				
	-30	0	1	6	19
<i>Acidobacteria</i>	0.52	0.02	0.04	0.18	0.50
<i>Actinobacteria</i>	1.64	84.13	72.49	71.29	40.34
<i>Apicomplexa</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aquificae</i>	0.21	0.01	0.01	0.04	0.13
<i>Arthropoda</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Ascomycota</i>	0.06	0.01	0.01	0.03	0.07
<i>Bacillariophyta</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Bacteroidetes</i>	1.10	0.06	0.29	3.65	8.09
<i>Basidiomycota</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Blastocladiomycota</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Poribacteria</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chlamydiae</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Chlorobi</i>	0.49	0.01	0.02	0.18	0.58
<i>Chloroflexi</i>	1.26	0.05	0.07	0.16	0.43
<i>Chlorophyta</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Chordata</i>	0.21	0.01	0.03	0.04	0.06
<i>Chrysiogenetes</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Chytridiomycota</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cnidaria</i>	0.26	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Crenarchaeota</i>	0.13	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Cyanobacteria</i>	0.95	0.05	0.08	0.24	0.68
<i>Deferribacteres</i>	0.11	0.01	0.01	0.04	0.14
<i>Deinococcus-Thermus</i>	0.24	0.03	0.04	0.08	0.19
<i>Dictyoglomi</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.04

<i>Echinodermata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Elusimicrobia</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.16
<i>Euglenida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Euryarchaeota</i>	0.86	0.05	0.08	0.17	0.55
<i>Fibrobacteres</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Firmicutes</i>	3.27	13.82	18.91	5.04	8.67
<i>Fusobacteria</i>	0.09	0.03	0.03	0.11	0.23
<i>Gemmatimonadetes</i>	0.11	0.00	0.01	0.03	0.16
<i>Hemichordata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Korarchaeota</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Lentisphaerae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.11
<i>Microsporidia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mollusca</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nanoarchaeota</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nematoda</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Nitrospirae</i>	0.36	0.00	0.01	0.03	0.15
<i>Phaeophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Placozoa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Planctomycetes</i>	0.30	0.01	0.02	0.07	0.24
<i>Platyhelminthes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Proteobacteria</i>	85.84	1.57	7.63	18.00	36.65
<i>Spirochaetes</i>	0.20	0.02	0.03	0.09	0.34
<i>Streptophyta</i>	0.13	0.01	0.02	0.03	0.07
<i>Synergistetes</i>	0.10	0.01	0.01	0.04	0.14
<i>Tenericutes</i>	0.04	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Thaumarchaeota</i>	0.13	0.00	0.01	0.02	0.06
<i>Thermotogae</i>	0.18	0.02	0.02	0.07	0.22
<i>Verrucomicrobia</i>	0.59	0.01	0.02	0.12	0.40
<i>Xanthophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Bacteria)</i>	0.12	0.01	0.01	0.02	0.08
<i>unclassified (derived from Eukaryota)</i>	0.05	0.01	0.01	0.03	0.07
<i>unclassified (derived from Viruses)</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.07
<i>unclassified (derived from other sequences)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

B

Orgnism/Class	Bacterial abundance[%]				
	Day				
	-30	0	1	6	19
<i>Acidobacteria (class)</i>	0.12	0.00	0.01	0.05	0.12
<i>Aconoidasida</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinobacteria (class)</i>	1.64	84.1 3	72.49	71.2 9	40.3 4
<i>Actinopterygii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Agaricomycetes</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Alphaproteobacteria</i>	7.19	0.42	0.85	1.13	1.85
<i>Amphibia</i>	0.16	0.00	0.02	0.02	0.01
<i>Anthocerotopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anthozoa</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Aquificae (class)</i>	0.21	0.01	0.01	0.04	0.13
<i>Arachnida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Archaeoglobi</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Asciacea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Asteroidea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aves</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillariophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacilli</i>	0.93	12.9 9	17.69	1.95	1.74
<i>Bacteroidia</i>	0.30	0.02	0.04	1.94	4.13
<i>Bangiophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Betaproteobacteria</i>	63.4 1	0.50	5.48	7.51	4.07
<i>Blastocladiomycetes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bryopsida</i>	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Cephalopoda</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Charophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Chlamydiae (class)</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Chlorobia</i>	0.49	0.01	0.02	0.18	0.58
<i>Chloroflexi (class)</i>	0.46	0.03	0.05	0.10	0.26
<i>Chlorokybophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorophyceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chromadorea</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Chrysiogenetes (class)</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Chrysophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chytridiomycetes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridia</i>	2.17	0.80	1.17	2.86	6.50
<i>Coccidia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coleochaetophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coniferopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coscinodiscophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cryptophyta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cycadopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cytophagia</i>	0.24	0.01	0.08	0.46	1.07
<i>Deferribacteres (class)</i>	0.11	0.01	0.01	0.04	0.14
<i>Dehalococcoidetes</i>	0.56	0.00	0.01	0.03	0.08
<i>Deinococci</i>	0.24	0.03	0.04	0.08	0.19
<i>Deltaproteobacteria</i>	4.83	0.13	0.21	7.47	27.5 3
<i>Dictyoglomia</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Dinophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dothideomycetes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Echinoidea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Elusimicrobia (class)</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.14
<i>Enteropneusta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Epsilonproteobacteria</i>	1.46	0.03	0.05	0.13	0.31
<i>Equisetopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erysipelotrichi</i>	0.03	0.02	0.03	0.13	0.23
<i>Eurotiomycetes</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Exobasidiomycetes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fibrobacteres (class)</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Flavobacteria</i>	0.26	0.02	0.14	0.78	1.77
<i>Florideophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Fragilariophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacteria (class)</i>	0.09	0.03	0.03	0.11	0.23
<i>Gammaproteobacteria</i>	8.74	0.49	1.02	1.72	2.82
<i>Gemmatimonadetes (class)</i>	0.11	0.00	0.01	0.03	0.16
<i>Glaucocystophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gloeobacteria</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Gnetopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halobacteria</i>	0.07	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Heterolobosea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hydrozoa</i>	0.25	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Insecta</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Isoetopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Jungermanniopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ktedonobacteria</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Leotiomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Liliopsida</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Lycopodiopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mammalia</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Marattiopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Marchantiopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mesostigmatophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanobacteria</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Methanococci</i>	0.09	0.00	0.01	0.02	0.07
<i>Methanomicrobia</i>	0.35	0.02	0.03	0.08	0.27
<i>Methanopyri</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Mollicutes</i>	0.04	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Negativicutes</i>	0.14	0.01	0.02	0.09	0.21
<i>Nitrospira (class)</i>	0.36	0.00	0.01	0.03	0.15
<i>Oligohymenophorea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Opitutae</i>	0.18	0.00	0.01	0.05	0.17
<i>Pelagophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pezizomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Planctomycetacia</i>	0.30	0.01	0.02	0.07	0.24
<i>Polypodiopsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Prasinophyceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Raphidophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Saccharomycetes</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Schizosaccharomycetes</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Solibacteres</i>	0.26	0.01	0.02	0.08	0.22
<i>Sordariomycetes</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Spartobacteria</i>	0.09	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Sphingobacteria</i>	0.28	0.01	0.02	0.43	0.99
<i>Spirochaetes (class)</i>	0.20	0.02	0.03	0.09	0.34
<i>Synergistia</i>	0.10	0.01	0.01	0.04	0.14
<i>Synurophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermococci</i>	0.10	0.01	0.01	0.02	0.06
<i>Thermomicrobia (class)</i>	0.17	0.01	0.01	0.02	0.06
<i>Thermoplasmata</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermoprotei</i>	0.13	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Thermotogae (class)</i>	0.18	0.02	0.02	0.07	0.22
<i>Trebouxiophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trematoda</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tremellomycetes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ulvophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ustilaginomycetes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Verrucomicrobiae</i>	0.28	0.00	0.01	0.05	0.16
<i>Zetaproteobacteria</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Zygnemophyceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Acidobacteria)</i>	0.14	0.01	0.02	0.06	0.16
<i>unclassified (derived from Bacteria)</i>	0.12	0.01	0.01	0.02	0.08
<i>unclassified (derived from Bacteroidetes)</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.12
<i>unclassified (derived from Candidatus Poribacteria)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Chlorophyta)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Chordata)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Cyanobacteria)</i>	0.89	0.04	0.07	0.22	0.63
<i>unclassified (derived from Elusimicrobia)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>unclassified (derived from Euglenida)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Eukaryota)</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>unclassified (derived from Euryarchaeota)</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>unclassified (derived from Korarchaeota)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Lentisphaerae)</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.11
<i>unclassified (derived from Microsporidia)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>unclassified (derived from Nanoarchaeota)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Phaeophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Placozoa)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Proteobacteria)</i>	0.14	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>unclassified (derived from Streptophyta)</i>	0.11	0.00	0.01	0.03	0.04
<i>unclassified (derived from Thaumarchaeota)</i>	0.13	0.00	0.01	0.02	0.06
<i>unclassified (derived from Verrucomicrobia)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>unclassified (derived from Viruses)</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.07
<i>unclassified (derived from Xanthophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from other sequences)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

C

Orgnism/Order	Bacterial abundance[%]				
	Day				
	-30	0	1	6	19
<i>Acholeplasmatales</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Acidilobales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acidimicrobiales</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Acidithiobacillales</i>	0.23	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Acidobacteriales</i>	0.12	0.00	0.01	0.05	0.12
<i>Acorales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actiniaria</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Actinomycetales</i>	1.43	84.0 3	72.3 8	71.1 5	40.0 1
<i>Aeromonadales</i>	0.16	0.01	0.02	0.05	0.07
<i>Agaricales</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Alismatales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Alteromonadales</i>	1.11	0.04	0.11	0.26	0.48
<i>Amborellales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anthocerotales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anura</i>	0.16	0.00	0.02	0.02	0.01
<i>Apiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aquificales</i>	0.21	0.01	0.01	0.04	0.13
<i>Archaeoglobales</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Bacillales</i>	0.73	12.7 7	17.3 9	1.78	1.39
<i>Bacteroidales</i>	0.30	0.02	0.04	1.94	4.13
<i>Bangiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bdellovibrionales</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.07
<i>Bicosoecida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacteriales</i>	0.03	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Blastocladiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Brassicales</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bryopsidales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderiales</i>	40.7 9	0.41	3.99	4.84	2.99
<i>Campylobacterales</i>	1.33	0.02	0.05	0.11	0.25
<i>Capnodiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cardiobacteriales</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Carnivora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Caudovirales</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.07
<i>Caulobacterales</i>	0.51	0.02	0.04	0.08	0.10
<i>Cenarchaeales</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chaetopeltidales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chaetophorales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Charales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chattonellales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlamydiales</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Chlamydomonadales</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chlorellales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorobiales</i>	0.49	0.01	0.02	0.18	0.58
<i>Chloroflexales</i>	0.40	0.03	0.04	0.08	0.22
<i>Chlorokybales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Choanoflagellida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chromatiales</i>	1.42	0.02	0.05	0.11	0.24
<i>Chromulinales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chroococcales</i>	0.50	0.02	0.04	0.13	0.35
<i>Chrysiogenales</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Clostridiales</i>	1.53	0.71	1.04	2.54	5.59
<i>Coleochaetales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coleoptera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coniferales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corallimorpharia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coriobacteriales</i>	0.05	0.01	0.02	0.03	0.16
<i>Cryptomonadales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanidiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cycadales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cypriniformes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Cytophagales</i>	0.24	0.01	0.08	0.46	1.07
<i>Deferribacterales</i>	0.11	0.01	0.01	0.04	0.14
<i>Deinococcales</i>	0.10	0.02	0.03	0.04	0.08
<i>Desmidiiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Desulfarculales</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.06
<i>Desulfobacterales</i>	0.77	0.01	0.02	0.12	0.77
<i>Desulfovibrionales</i>	0.63	0.02	0.04	0.37	0.69
<i>Desulfurococcales</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Desulfuromonadales</i>	1.87	0.03	0.06	6.54	24.5 7
<i>Dictyoglomales</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Dictyosteliida</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Didelphimorphia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Diptera</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Echinoida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ectocarpales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Elusimicrobiales</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.14
<i>Enterobacterales</i>	0.89	0.13	0.21	0.29	0.49
<i>Enterogona</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Entomoplasmatales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ephedrales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Equisetales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erysipelotrichales</i>	0.03	0.02	0.03	0.13	0.23
<i>Eucoccidiorida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Euglenales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Euglyphida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eupodiscales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eurotiales</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Fabales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fibrobacterales</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Flavobacteriales</i>	0.25	0.02	0.14	0.75	1.68
<i>Fragilariales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fucales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Funariales</i>	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Fusobacterales</i>	0.09	0.03	0.03	0.11	0.23
<i>Gadiformes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Galliformes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gallionellales</i>	2.32	0.00	0.03	0.07	0.09
<i>Gemmatimonadales</i>	0.11	0.00	0.01	0.03	0.16
<i>Geraniales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gloeobacterales</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Gnetales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gracilariales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haemosporida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halanaerobiales</i>	0.07	0.01	0.01	0.04	0.17
<i>Halobacteriales</i>	0.07	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Helotiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hemiptera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Herpesvirales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Herpetosiphonales</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Hydrogenophilales</i>	4.68	0.00	0.05	0.05	0.05
<i>Hydroida</i>	0.25	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Hymenoptera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hymenostomatida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hypocreales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Isochrysidales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ixodida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Kinetoplastida</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ktedonobacterales</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Lactobacillales</i>	0.20	0.22	0.31	0.17	0.34
<i>Lagomorpha</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lamiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Legionellales</i>	0.17	0.01	0.01	0.03	0.07
<i>Lentisphaerales</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Lycopodiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Magnaporthales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Malasseziales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Malpighiales</i>	0.09	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Mamiellales</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Marattiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Marchantiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mariprofundales</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02

<i>Mesostigmatales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanobacteriales</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Methanocellales</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanococcales</i>	0.09	0.00	0.01	0.02	0.07
<i>Methanomicrobiales</i>	0.12	0.01	0.01	0.03	0.11
<i>Methanopyrales</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanosarcinales</i>	0.21	0.01	0.02	0.04	0.14
<i>Methylacidiphilales</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Methylococcales</i>	0.52	0.00	0.01	0.04	0.08
<i>Methylophilales</i>	3.09	0.01	0.09	0.10	0.09
<i>Monotremata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasmatales</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Myrtales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Myxococcales</i>	0.67	0.05	0.07	0.29	0.81
<i>Natranaerobiales</i>	0.02	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Nautiliales</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Naviculales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseriales</i>	1.48	0.01	0.83	0.99	0.18
<i>Nitrosomonadales</i>	2.10	0.01	0.05	0.09	0.13
<i>Nitrosopumilales</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.05
<i>Nitrospirales</i>	0.36	0.00	0.01	0.03	0.15
<i>Nostocales</i>	0.19	0.01	0.02	0.05	0.13
<i>Nymphaeales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oceanospirillales</i>	0.55	0.03	0.05	0.09	0.16
<i>Oedogoniales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Onygenales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oscillatoriales</i>	0.12	0.00	0.01	0.03	0.09
<i>Parvularculales</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Passeriformes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pasteurellales</i>	0.16	0.01	0.03	0.05	0.10
<i>Peniculida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Peridinales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Perissodactyla</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Perkinsida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Peronosporales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pezizales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Phthiraptera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phyllachorales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Planctomycetales</i>	0.30	0.01	0.02	0.07	0.24
<i>Pleosporales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pleuroziales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Poales</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Polypodiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Polyporales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pottiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Primates</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Prochlorales</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Pseudomonadales</i>	1.94	0.18	0.39	0.49	0.55
<i>Pseudoscourfieldiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Psilotales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Puniceicoccales</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Pyramimonadales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrenomonadales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ranunculales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhabditida</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Rhizobiales</i>	2.81	0.22	0.36	0.54	0.89
<i>Rhodobacterales</i>	1.88	0.06	0.16	0.20	0.32
<i>Rhodocyclales</i>	7.50	0.05	0.41	1.28	0.45
<i>Rhodospirillales</i>	0.88	0.03	0.06	0.14	0.29
<i>Rickettsiales</i>	0.08	0.01	0.01	0.02	0.06
<i>Rodentia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Rosales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rubrobacterales</i>	0.08	0.03	0.03	0.04	0.05
<i>Saccharomycetales</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Sapindales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Saprolegniales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schizopyrenida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Schizosaccharomycetales</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Selaginellales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Selenomonadales</i>	0.14	0.01	0.02	0.09	0.21
<i>Solanales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Solibacterales</i>	0.26	0.01	0.02	0.08	0.22

<i>Solirubrobacterales</i>	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04
<i>Sordariales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sphaerobacterales</i>	0.10	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Sphaeropleales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sphingobacteriales</i>	0.28	0.01	0.02	0.43	0.99
<i>Sphingomonadales</i>	0.95	0.08	0.22	0.14	0.17
<i>Spirochaetales</i>	0.20	0.02	0.03	0.09	0.34
<i>Spirurida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Spizellomycetales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Strigeidida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfolobales</i>	0.04	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Synergistales</i>	0.10	0.01	0.01	0.04	0.14
<i>Syntrophobacterales</i>	0.52	0.01	0.02	0.09	0.39
<i>Synurales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Teuthida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermales</i>	0.14	0.01	0.01	0.04	0.10
<i>Thermoanaerobacterales</i>	0.54	0.08	0.11	0.27	0.70
<i>Thermococcales</i>	0.10	0.01	0.01	0.02	0.06
<i>Thermomicrobiales</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thermoplasmatales</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermoproteales</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thermotogales</i>	0.18	0.02	0.02	0.07	0.22
<i>Thiotrichales</i>	0.29	0.00	0.01	0.03	0.08
<i>Tremellales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trichomonadida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ulvales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ustilaginales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Valvatida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vaucheriales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Verrucomicrobiales</i>	0.28	0.00	0.01	0.05	0.16
<i>Vibrionales</i>	0.35	0.02	0.04	0.10	0.20
<i>Vitales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Welwitschiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Xanthomonadales</i>	0.50	0.02	0.04	0.10	0.16
<i>Zygnematales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Acidobacteria)</i>	0.14	0.01	0.02	0.06	0.16

<i>unclassified (derived from Aconoidasida)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Actinobacteria (class))</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02
<i>unclassified (derived from Alphaproteobacteria)</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Bacteria)</i>	0.12	0.01	0.01	0.02	0.08
<i>unclassified (derived from Bacteroidetes)</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.12
<i>unclassified (derived from Betaproteobacteria)</i>	1.46	0.00	0.03	0.11	0.09
<i>unclassified (derived from Candidatus Poribacteria)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Chlorophyta)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Chordata)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Coscinodiscophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Cyanobacteria)</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Dehalococcoidetes)</i>	0.56	0.00	0.01	0.03	0.08
<i>unclassified (derived from Deltaproteobacteria)</i>	0.26	0.00	0.00	0.03	0.17
<i>unclassified (derived from Elusimicrobia)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>unclassified (derived from Enteropneusta)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Epsilonproteobacteria)</i>	0.11	0.00	0.01	0.02	0.04
<i>unclassified (derived from Eukaryota)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Euryarchaeota)</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>unclassified (derived from Flavobacteria)</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.09
<i>unclassified (derived from Gammaproteobacteria)</i>	0.41	0.00	0.02	0.05	0.11
<i>unclassified (derived from Glaucocystophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Korarchaeota)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Lentisphaerae)</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.09
<i>unclassified (derived from Mammalia)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Microsporidia)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Nanoarchaeota)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Opitutae)</i>	0.16	0.00	0.01	0.04	0.14
<i>unclassified (derived from Pelagophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Placozoa)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Prasinophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Proteobacteria)</i>	0.14	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>unclassified (derived from Spartobacteria)</i>	0.09	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>unclassified (derived from Trebouxiophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Viruses)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from other sequences)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

D

Orgnism/Family	Bacterial abundance[%]				
	Day				
	-30	0	1	6	19
<i>Acetobacteraceae</i>	0.21	0.01	0.02	0.04	0.09
<i>Acholeplasmataceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Acidaminococcaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Acidilobaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acidimicrobiaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Acidithiobacillaceae</i>	0.23	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Acidobacteriaceae</i>	0.12	0.00	0.01	0.05	0.12
<i>Acidothermaceae</i>	0.04	0.03	0.03	0.03	0.06
<i>Acinetosporaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acoraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinomycetaceae</i>	0.02	0.01	0.01	0.01	0.04
<i>Actinosynnemataceae</i>	0.01	0.10	0.09	0.09	0.07
<i>Aerococcaceae</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Aeromonadaceae</i>	0.16	0.01	0.02	0.05	0.07
<i>Ajellomycetaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Alcaligenaceae</i>	1.33	0.03	0.11	0.15	0.15
<i>Alcanivoracaceae</i>	0.16	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Alicyclobacillaceae</i>	0.06	0.03	0.04	0.03	0.06
<i>Alloherpesviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Alteromonadaceae</i>	0.30	0.01	0.02	0.06	0.09
<i>Amborellaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anaplasmataceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Anthocerotaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aphididae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Apiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Apidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aquificaceae</i>	0.13	0.01	0.01	0.02	0.08

<i>Araceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Archaeoglobaceae</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Arthrodermataceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Asfarviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Asterinidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aurantimonadaceae</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Babesiidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillaceae</i>	0.46	11.13	15.01	1.20	0.87
<i>Bacteroidaceae</i>	0.15	0.02	0.02	0.94	2.05
<i>Baculoviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bangiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bartonellaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bdellovibrionaceae</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.07
<i>Beijerinckiaceae</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Beutenbergiaceae</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Bicaudaviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacteriaceae</i>	0.03	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Blastocladiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Blattabacteriaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bovidae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brachyspiraceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Bradyrhizobiaceae</i>	1.18	0.08	0.12	0.20	0.33
<i>Branchiostomidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brassicaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Brevibacteriaceae</i>	0.01	0.03	0.03	0.03	0.03
<i>Brucellaceae</i>	0.10	0.01	0.02	0.03	0.04
<i>Bryopsidaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderiaceae</i>	6.65	0.21	0.63	0.90	0.76
<i>Cafeteriaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Calliphoridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Campylobacteraceae</i>	0.22	0.02	0.03	0.06	0.12
<i>Canidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cardiobacteriaceae</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caricaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Carnobacteriaceae</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Catenulisporaceae</i>	0.02	0.03	0.03	0.04	0.05

<i>Caulobacteraceae</i>	0.51	0.02	0.04	0.08	0.10
<i>Cebidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cellulomonadaceae</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Cenarchaeaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cercopithecidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chaetomiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chaetopeltidaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chaetosphaeridiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Characeae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chattonellaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlamydiaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Chlamydomonadaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chlorellaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorobiaceae</i>	0.49	0.01	0.02	0.18	0.58
<i>Chloroflexaceae</i>	0.37	0.03	0.04	0.08	0.20
<i>Chlorokybaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chromatiaceae</i>	0.54	0.01	0.02	0.05	0.11
<i>Chromulinaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chrysiogenaceae</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Cionidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridiaceae</i>	0.52	0.42	0.61	1.79	3.72
<i>Clostridiales Family XI. Incertae Sedis</i>	0.04	0.01	0.01	0.04	0.08
<i>Clostridiales Family XVII. Incertae Sedis</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Clostridiales Family XVIII. Incertae Sedis</i>	0.07	0.03	0.04	0.08	0.07
<i>Codonosigidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Colwelliaceae</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Comamonadaceae</i>	27.63	0.11	2.89	3.20	1.72
<i>Conexibacteraceae</i>	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04
<i>Convolvulaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coriobacteriaceae</i>	0.05	0.01	0.02	0.03	0.16
<i>Corioloraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacteriaceae</i>	0.06	0.24	0.22	0.22	0.18
<i>Coxiellaceae</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Cryptomonadaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptosporidiidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Culicidae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Cupressaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanidiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanophoraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cycadaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyclobacteriaceae</i>	0.06	0.00	0.04	0.04	0.09
<i>Cyprinidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cystobacteraceae</i>	0.07	0.00	0.00	0.03	0.09
<i>Cytophagaceae</i>	0.17	0.01	0.03	0.38	0.86
<i>Debaryomycetaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Deferribacteraceae</i>	0.11	0.01	0.01	0.04	0.14
<i>Deinococcaceae</i>	0.08	0.02	0.02	0.04	0.07
<i>Dermabacteraceae</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Dermacoccaceae</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Desmidiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Desulfarculaceae</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.06
<i>Desulfobacteraceae</i>	0.43	0.01	0.01	0.08	0.53
<i>Desulfobulbaceae</i>	0.33	0.00	0.00	0.04	0.24
<i>Desulfohalobiaceae</i>	0.08	0.00	0.00	0.03	0.07
<i>Desulfomicrobiaceae</i>	0.09	0.00	0.00	0.04	0.08
<i>Desulfovibrionaceae</i>	0.47	0.02	0.04	0.31	0.54
<i>Desulfurococcaceae</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Desulfuromonadaceae</i>	0.07	0.00	0.00	0.05	0.20
<i>Dictyoglomaceae</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Didelphidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dipodascaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophilidae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ectocarpaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ectothiorhodospiraceae</i>	0.77	0.01	0.03	0.06	0.11
<i>Edwardsiidae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Eimeriidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Elusimicrobiaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.14
<i>Enterobacteriaceae</i>	0.89	0.13	0.21	0.29	0.49
<i>Enterococcaceae</i>	0.02	0.08	0.11	0.03	0.05
<i>Enterocytozoonidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Entomoplasmataceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ephedraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Equidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Equisetaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erysipelotrichaceae</i>	0.03	0.02	0.03	0.13	0.23
<i>Erythrobacteraceae</i>	0.18	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Estrildidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eubacteriaceae</i>	0.06	0.01	0.02	0.09	0.19
<i>Euphorbiaceae</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Eupodiscaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fabaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ferrimonadaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ferropasmaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fibrobacteraceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Flammeovirgaceae</i>	0.02	0.00	0.01	0.04	0.12
<i>Flavobacteriaceae</i>	0.23	0.02	0.12	0.71	1.58
<i>Fragilariaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Francisellaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Frankiaceae</i>	0.10	0.42	0.39	0.42	0.32
<i>Fucaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Funariaceae</i>	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Fusobacteriaceae</i>	0.09	0.03	0.03	0.11	0.23
<i>Gallionellaceae</i>	2.32	0.00	0.03	0.07	0.09
<i>Geminigeraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gemmatimonadaceae</i>	0.11	0.00	0.01	0.03	0.16
<i>Geobacteraceae</i>	1.50	0.02	0.04	5.78	22.64
<i>Geodermatophilaceae</i>	0.02	0.05	0.05	0.05	0.04
<i>Geraniaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Glycomycetaceae</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.03
<i>Gnetaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gordoniaceae</i>	0.01	0.26	0.21	0.21	0.12
<i>Gracilariaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hahellaceae</i>	0.13	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Halanaerobiaceae</i>	0.05	0.00	0.01	0.03	0.12
<i>Haliangiaceae</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Halobacteriaceae</i>	0.07	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Halobacteroidaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Halomonadaceae</i>	0.10	0.01	0.01	0.02	0.03

<i>Halothiobacillaceae</i>	0.11	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Harrimaniidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicobacteraceae</i>	1.00	0.01	0.01	0.04	0.12
<i>Heliobacteriaceae</i>	0.05	0.01	0.01	0.02	0.07
<i>Herpesviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Herpetosiphonaceae</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Hexamitidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Histionidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hominidae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hydridae</i>	0.25	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Hydrogenophilaceae</i>	4.68	0.00	0.05	0.05	0.05
<i>Hydrogenothermaceae</i>	0.08	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Hyphomicrobiaceae</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Hyphomonadaceae</i>	0.11	0.01	0.02	0.03	0.05
<i>Idiomarinaceae</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Inoviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Intrasporangiaceae</i>	0.03	0.05	0.04	0.05	0.07
<i>Iridoviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ixodidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Jonesiaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Kineosporiaceae</i>	0.02	0.04	0.04	0.04	0.05
<i>Ktedonobacteraceae</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Lachnospiraceae</i>	0.05	0.02	0.03	0.08	0.19
<i>Lactobacillaceae</i>	0.09	0.05	0.07	0.05	0.11
<i>Lasiosphaeriaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Legionellaceae</i>	0.12	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Lentisphaeraceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Leporidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leptospiraceae</i>	0.07	0.00	0.01	0.03	0.09
<i>Leuconostocaceae</i>	0.02	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Listeriaceae</i>	0.03	0.17	0.24	0.04	0.06
<i>Loliginidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lycopodiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Macrouridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Magnaporthaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Malasseziaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Marasmiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Marattiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Marchantiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mariprofundaceae</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Mesostigmataceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanobacteriaceae</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Methanocaldococcaceae</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Methanocellaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanococcaceae</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Methanocorpusculaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanomicrobiaceae</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Methanopyraceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanosaetaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanosarcinaceae</i>	0.17	0.01	0.02	0.04	0.13
<i>Methanospirillaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Methanothermaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methylacidiphilaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Methylobacteriaceae</i>	0.28	0.02	0.03	0.04	0.07
<i>Methylococcaceae</i>	0.52	0.00	0.01	0.04	0.08
<i>Methylocystaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Methylophilaceae</i>	3.06	0.01	0.09	0.09	0.09
<i>Metschnikowiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Microbacteriaceae</i>	0.03	0.06	0.06	0.06	0.07
<i>Micrococcaceae</i>	0.07	0.19	0.21	0.19	0.19
<i>Micromonosporaceae</i>	0.06	0.11	0.10	0.12	0.13
<i>Monomasticaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Moraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Moraxellaceae</i>	0.31	0.04	0.06	0.10	0.13
<i>Moritellaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Muridae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Mycobacteriaceae</i>	0.21	3.09	2.72	2.71	1.56
<i>Mycoplasmataceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Mycosphaerellaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Myoviridae</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Myxococcaceae</i>	0.44	0.03	0.04	0.20	0.56
<i>Nakamurellaceae</i>	0.02	0.05	0.04	0.04	0.04

<i>Nannocystaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Natranaerobiaceae</i>	0.02	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Nautiliaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nectriaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Neisseriaceae</i>	1.48	0.01	0.83	0.99	0.18
<i>Nimaviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nitrosomonadaceae</i>	2.10	0.01	0.05	0.09	0.13
<i>Nitrosopumilaceae</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.05
<i>Nitrospiraceae</i>	0.36	0.00	0.01	0.03	0.15
<i>Nocardiaceae</i>	0.13	77.90	66.89	65.53	35.55
<i>Nocardiodaceae</i>	0.11	0.22	0.20	0.22	0.21
<i>Nocardiopsaceae</i>	0.04	0.07	0.06	0.07	0.09
<i>Noelaerhabdaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nosematidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nostocaceae</i>	0.19	0.01	0.02	0.05	0.13
<i>Nymphaeaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oceanospirillaceae</i>	0.16	0.01	0.02	0.03	0.05
<i>Oleaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Onagraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Onchocercidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Onygenaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Opitutaceae</i>	0.16	0.00	0.01	0.04	0.14
<i>Ornithorhynchidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oscillochloridaceae</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Oxalobacteraceae</i>	2.53	0.01	0.15	0.33	0.17
<i>Paenibacillaceae</i>	0.11	1.21	1.79	0.45	0.30
<i>Parachlamydiaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Parameciidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Parvularculaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pasteurellaceae</i>	0.16	0.01	0.03	0.05	0.10
<i>Paulinellidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pediculidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pelobacteraceae</i>	0.30	0.01	0.01	0.71	1.73
<i>Peptococcaceae</i>	0.45	0.16	0.25	0.24	0.66
<i>Peptostreptococcaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.03
<i>Peridiniaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Perkinsidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phaeodactylaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phaeosphaeriaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phasianidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phycodnaviridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phyllobacteriaceae</i>	0.32	0.03	0.05	0.07	0.10
<i>Picrophilaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pinaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pipidae</i>	0.16	0.00	0.02	0.02	0.01
<i>Piscirickettsiaceae</i>	0.16	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Planctomycetaceae</i>	0.30	0.01	0.02	0.07	0.24
<i>Planococcaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pleosporaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pleuroziaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Poaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Podoviridae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Polyangiaceae</i>	0.07	0.01	0.01	0.03	0.08
<i>Porphyromonadaceae</i>	0.08	0.00	0.01	0.69	1.32
<i>Pottiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Prevotellaceae</i>	0.05	0.00	0.00	0.22	0.51
<i>Prochlorococcaceae</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Promicromonosporaceae</i>	0.01	0.02	0.01	0.02	0.02
<i>Propionibacteriaceae</i>	0.02	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Psathyrellaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudoalteromonadaceae</i>	0.11	0.01	0.01	0.03	0.06
<i>Pseudomonadaceae</i>	1.63	0.14	0.32	0.39	0.42
<i>Pseudonocardiaceae</i>	0.08	0.38	0.34	0.34	0.28
<i>Psilotaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Psychromonadaceae</i>	0.08	0.00	0.01	0.02	0.04
<i>Pteridaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pteromalidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Puniceicoccaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Pycnococcaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrenomonadaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrodictiaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ranunculaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Rhabditidae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Rhizobiaceae</i>	0.46	0.07	0.10	0.13	0.19
<i>Rhodobacteraceae</i>	1.74	0.05	0.14	0.17	0.26
<i>Rhodocyclaceae</i>	7.50	0.05	0.41	1.28	0.45
<i>Rhodospirillaceae</i>	0.67	0.02	0.04	0.10	0.20
<i>Rhodothermaceae</i>	0.11	0.00	0.01	0.04	0.11
<i>Rickettsiaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Ricordeidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rikenellaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.05	0.19
<i>Rubrobacteraceae</i>	0.08	0.03	0.03	0.04	0.05
<i>Ruminococcaceae</i>	0.08	0.02	0.03	0.10	0.32
<i>Rutaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Saccharomycetaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Salicaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sanguibacteraceae</i>	0.01	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Saprolegniaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sarcocystidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Scenedesmaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schistosomatidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schizophyllaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schizosaccharomycetaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sclerotiniaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Segniliparaceae</i>	0.00	0.02	0.02	0.02	0.01
<i>Selaginellaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shewanellaceae</i>	0.43	0.02	0.05	0.11	0.20
<i>Siphoviridae</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.03
<i>Solanaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Solibacteraceae</i>	0.26	0.01	0.02	0.08	0.22
<i>Sordariaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sphaerobacteraceae</i>	0.10	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Sphingobacteriaceae</i>	0.13	0.01	0.01	0.29	0.65
<i>Sphingomonadaceae</i>	0.77	0.08	0.21	0.13	0.14
<i>Spirochaetaceae</i>	0.10	0.01	0.02	0.05	0.20
<i>Spizellomycetaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcaceae</i>	0.04	0.13	0.17	0.05	0.07
<i>Streptococcaceae</i>	0.06	0.07	0.09	0.06	0.12

<i>Streptomycetaceae</i>	0.20	0.39	0.35	0.39	0.46
<i>Streptosporangiaceae</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.05
<i>Strongylocentrotidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Suidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfolobaceae</i>	0.04	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Synergistaceae</i>	0.10	0.01	0.01	0.04	0.14
<i>Syntrophaceae</i>	0.29	0.00	0.01	0.05	0.19
<i>Syntrophobacteraceae</i>	0.23	0.01	0.01	0.05	0.20
<i>Syntrophomonadaceae</i>	0.12	0.02	0.03	0.04	0.15
<i>Synuraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tenebrionidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tetrahymenidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thalassiosiraceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Theileriidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermaceae</i>	0.14	0.01	0.01	0.04	0.10
<i>Thermoanaerobacteraceae</i>	0.38	0.06	0.08	0.17	0.44
<i>Thermoanaerobacterales Family III.</i>					
<i>Incertae Sedis</i>	0.14	0.02	0.03	0.10	0.25
<i>Thermococcaceae</i>	0.10	0.01	0.01	0.02	0.06
<i>Thermodesulfobiaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermofilaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermomicrobiaceae</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thermomonosporaceae</i>	0.02	0.05	0.04	0.05	0.05
<i>Thermoplasmataceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermoproteaceae</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermotogaceae</i>	0.17	0.02	0.02	0.06	0.20
<i>Thiotrichaceae</i>	0.09	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Tremellaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trichocomaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Tricholomataceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trichomonadidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Trueperaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Trypanosomatidae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Tsukamurellaceae</i>	0.01	0.11	0.09	0.09	0.06
<i>Tuberaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Typhaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Unikaryonidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ursidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ustilaginaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vahlkampfiidae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Vaucheriaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Veillonellaceae</i>	0.12	0.01	0.02	0.08	0.19
<i>Verrucomicrobia subdivision 3</i>	0.20	0.00	0.00	0.02	0.08
<i>Verrucomicrobiaceae</i>	0.06	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Vibrionaceae</i>	0.35	0.02	0.04	0.10	0.20
<i>Victivallaceae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.09
<i>Vitaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Volvocaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Waddliaceae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Welwitschiaceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Xanthobacteraceae</i>	0.24	0.01	0.03	0.04	0.06
<i>Xanthomonadaceae</i>	0.50	0.02	0.04	0.10	0.16
<i>Zygnemataceae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Acidobacteria)</i>	0.14	0.01	0.02	0.06	0.16
<i>unclassified (derived from Actinobacteria (class))</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02
<i>unclassified (derived from Actinomycetales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Alphaproteobacteria)</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Alteromonadales)</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Bacillales)</i>	0.02	0.10	0.14	0.03	0.04
<i>unclassified (derived from Bacteria)</i>	0.12	0.01	0.01	0.02	0.08
<i>unclassified (derived from Bacteroidales)</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>unclassified (derived from Bacteroidetes)</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.12
<i>unclassified (derived from Betaproteobacteria)</i>	1.46	0.00	0.03	0.11	0.09
<i>unclassified (derived from Burkholderiales)</i>	2.65	0.04	0.21	0.26	0.19
<i>unclassified (derived from Campylobacterales)</i>	0.11	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Candidatus Poribacteria)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Caudovirales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>unclassified (derived from Chaetophorales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Chlorophyta)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Chroococcales)</i>	0.50	0.02	0.04	0.13	0.35
<i>unclassified (derived from Clostridiales)</i>	0.02	0.01	0.01	0.03	0.07
<i>unclassified (derived from Cyanobacteria)</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Dehalococcoidetes)</i>	0.56	0.00	0.01	0.03	0.08
<i>unclassified (derived from Deltaproteobacteria)</i>	0.26	0.00	0.00	0.03	0.17
<i>unclassified (derived from Dictyosteliida)</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Elusimicrobia)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>unclassified (derived from Epsilonproteobacteria)</i>	0.11	0.00	0.01	0.02	0.04
<i>unclassified (derived from Euglenales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Eukaryota)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Euryarchaeota)</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>unclassified (derived from Flavobacteria)</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.09
<i>unclassified (derived from Flavobacteriales)</i>	0.01	0.00	0.01	0.04	0.09
<i>unclassified (derived from Gammaproteobacteria)</i>	0.41	0.00	0.02	0.05	0.11
<i>unclassified (derived from Gloeobacterales)</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>unclassified (derived from Haemosporida)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Korarchaeota)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Mamiellales)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Methanomicrobiales)</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>unclassified (derived from Methylophilales)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Nanoarchaeota)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Oedogoniales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Onygenales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Oscillatoriales)</i>	0.12	0.00	0.01	0.03	0.09
<i>unclassified (derived from Pelagophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Peronosporales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Phyllachorales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Placozoa)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Proteobacteria)</i>	0.14	0.00	0.01	0.02	0.05

<i>unclassified (derived from Pyramimonadales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Rhizobiales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Rhodobacterales)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Rickettsiales)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Saccharomycetales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Spartobacteria)</i>	0.09	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>unclassified (derived from Sphingobacteriales)</i>	0.04	0.00	0.01	0.11	0.23
<i>unclassified (derived from Thermotogales)</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Trebouxiophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Ulvales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Verrucomicrobiales)</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unclassified (derived from Vibrionales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Viruses)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from other sequences)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

E

Orgnism/Genus	Bacterial abundance[%]				
	Day				
	-30	0	1	6	19
<i>Rhodococcus</i>	0.10	76.58	65.76	64.41	34.94
<i>Geobacter</i>	1.50	0.02	0.04	5.78	22.64
<i>Bacillus</i>	0.31	8.75	11.61	0.92	0.65
<i>Clostridium</i>	0.45	0.35	0.52	1.55	3.36
<i>Mycobacterium</i>	0.21	3.09	2.72	2.71	1.56
<i>Bacteroides</i>	0.15	0.02	0.02	0.94	2.05
<i>Geobacillus</i>	0.11	1.38	1.97	0.16	0.14
<i>Pelobacter</i>	0.30	0.01	0.01	0.71	1.73
<i>Paenibacillus</i>	0.09	1.07	1.58	0.41	0.25
<i>Acidovorax</i>	9.17	0.02	1.34	1.53	0.44
<i>Nocardia</i>	0.03	1.31	1.12	1.12	0.61
<i>Dechloromonas</i>	2.75	0.03	0.10	0.85	0.21
<i>Lysinibacillus</i>	0.01	0.46	0.67	0.04	0.02
<i>Parabacteroides</i>	0.03	0.00	0.01	0.24	0.52
<i>Desulfovibrio</i>	0.45	0.02	0.04	0.30	0.52
<i>Prevotella</i>	0.05	0.00	0.00	0.22	0.51
<i>Paludibacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.34	0.49
<i>Anoxybacillus</i>	0.01	0.35	0.49	0.04	0.02
<i>Polaromonas</i>	6.06	0.03	0.49	0.43	0.35
<i>Streptomyces</i>	0.20	0.39	0.35	0.39	0.46
<i>Burkholderia</i>	3.01	0.14	0.33	0.46	0.42
<i>Chromobacterium</i>	0.54	0.01	0.38	0.45	0.06
<i>Frankia</i>	0.10	0.42	0.39	0.42	0.32
<i>Pedobacter</i>	0.08	0.00	0.01	0.18	0.42
<i>Albidiferax</i>	5.83	0.01	0.28	0.41	0.39
<i>Flavobacterium</i>	0.06	0.00	0.08	0.21	0.41
<i>Anaeromyxobacter</i>	0.32	0.02	0.03	0.15	0.41

<i>Lutiella</i>	0.35	0.00	0.33	0.38	0.03
<i>Pseudomonas</i>	1.45	0.13	0.31	0.36	0.37
<i>Alkaliphilus</i>	0.07	0.06	0.09	0.24	0.36
<i>Porphyromonas</i>	0.02	0.00	0.00	0.12	0.31
<i>Chlorobium</i>	0.26	0.01	0.01	0.09	0.31
<i>Oceanobacillus</i>	0.02	0.19	0.27	0.03	0.03
<i>Verminephrobacter</i>	1.63	0.03	0.23	0.26	0.11
<i>Desulfitobacterium</i>	0.11	0.08	0.12	0.10	0.26
<i>Gordonia</i>	0.01	0.26	0.21	0.21	0.12
<i>Cupriavidus</i>	1.86	0.06	0.19	0.26	0.18
<i>Saccharopolyspora</i>	0.04	0.24	0.22	0.22	0.15
<i>Listeria</i>	0.03	0.17	0.24	0.04	0.06
<i>Corynebacterium</i>	0.06	0.24	0.22	0.22	0.18
<i>Cytophaga</i>	0.05	0.00	0.01	0.09	0.23
<i>Chitinophaga</i>	0.04	0.00	0.01	0.11	0.23
<i>Candidatus Solibacter</i>	0.26	0.01	0.02	0.08	0.22
<i>Spirosoma</i>	0.04	0.00	0.01	0.10	0.21
<i>Shewanella</i>	0.43	0.02	0.05	0.11	0.20
<i>Brevibacillus</i>	0.02	0.14	0.20	0.03	0.05
<i>Syntrophobacter</i>	0.23	0.01	0.01	0.05	0.20
<i>Desulfotomaculum</i>	0.13	0.06	0.10	0.07	0.20
<i>Dyadobacter</i>	0.04	0.00	0.01	0.10	0.20
<i>Desulfatibacillum</i>	0.18	0.00	0.01	0.03	0.20
<i>Desulfuromonas</i>	0.07	0.00	0.00	0.05	0.20
<i>Alistipes</i>	0.01	0.00	0.00	0.05	0.19
<i>Syntrophus</i>	0.29	0.00	0.01	0.05	0.19
<i>Desulfococcus</i>	0.15	0.00	0.00	0.03	0.19
<i>Nocardioides</i>	0.07	0.18	0.17	0.19	0.16
<i>Delftia</i>	1.39	0.01	0.17	0.18	0.12
<i>Arthrobacter</i>	0.04	0.16	0.18	0.16	0.15
<i>Gramella</i>	0.03	0.00	0.01	0.07	0.18
<i>unclassified (derived from Deltaproteobacteria)</i>	0.26	0.00	0.00	0.03	0.17
<i>Aromatoleum</i>	1.76	0.01	0.13	0.17	0.10
<i>Eubacterium</i>	0.05	0.01	0.02	0.08	0.17
<i>Gemmatimonas</i>	0.11	0.00	0.01	0.03	0.16

<i>Candidatus Koribacter</i>	0.14	0.01	0.02	0.06	0.16
<i>Comamonas</i>	0.90	0.00	0.11	0.11	0.15
<i>Caldicellulosiruptor</i>	0.08	0.01	0.02	0.06	0.15
<i>Novosphingobium</i>	0.38	0.05	0.15	0.06	0.05
<i>Alicyciphilus</i>	1.03	0.00	0.13	0.15	0.05
<i>Myxococcus</i>	0.12	0.01	0.02	0.05	0.15
<i>Staphylococcus</i>	0.04	0.11	0.15	0.04	0.06
<i>Rhodopseudomonas</i>	0.54	0.03	0.05	0.08	0.14
<i>Desulfobacterium</i>	0.10	0.00	0.00	0.02	0.14
<i>Elusimicrobium</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.14
<i>Ralstonia</i>	1.25	0.01	0.09	0.14	0.11
<i>Roseiflexus</i>	0.24	0.02	0.03	0.05	0.14
<i>Exiguobacterium</i>	0.02	0.10	0.13	0.02	0.04
<i>Methylibium</i>	1.19	0.04	0.11	0.13	0.09
<i>Azoarcus</i>	1.60	0.01	0.09	0.13	0.08
<i>Caldanaerobacter</i>	0.07	0.01	0.02	0.06	0.13
<i>Vibrio</i>	0.23	0.01	0.03	0.06	0.13
<i>Cyanothece</i>	0.17	0.01	0.01	0.04	0.13
<i>Variovorax</i>	1.62	0.00	0.13	0.11	0.10
<i>Janthinobacterium</i>	1.05	0.01	0.06	0.12	0.06
<i>Bradyrhizobium</i>	0.45	0.04	0.06	0.09	0.12
<i>Synechococcus</i>	0.20	0.01	0.02	0.05	0.12
<i>Sphingobacterium</i>	0.02	0.00	0.00	0.05	0.12
<i>Acetivibrio</i>	0.02	0.00	0.01	0.03	0.12
<i>Maribacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.06	0.12
<i>Thauera</i>	1.39	0.00	0.09	0.12	0.06
<i>Desulfotalea</i>	0.13	0.00	0.00	0.03	0.12
<i>Marivirga</i>	0.02	0.00	0.01	0.04	0.12
<i>Fusobacterium</i>	0.05	0.01	0.01	0.05	0.12
<i>Desulfurivibrio</i>	0.20	0.00	0.00	0.02	0.12
<i>Capnocytophaga</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.12
<i>Mucilaginibacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.06	0.12
<i>Tsukamurella</i>	0.01	0.11	0.09	0.09	0.06
<i>Enterococcus</i>	0.02	0.08	0.11	0.03	0.05
<i>Opitutus</i>	0.13	0.00	0.00	0.04	0.11
<i>Candidatus Accumulibacter</i>	1.44	0.00	0.02	0.11	0.08

<i>Microscilla</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.11
<i>Leptothrix</i>	1.13	0.01	0.09	0.11	0.08
<i>Bordetella</i>	0.88	0.02	0.08	0.11	0.10
<i>Thermoanaerobacter</i>	0.06	0.01	0.02	0.05	0.10
<i>Lactobacillus</i>	0.08	0.04	0.06	0.05	0.10
<i>Polaribacter</i>	0.02	0.00	0.01	0.05	0.10
<i>Streptococcus</i>	0.05	0.06	0.08	0.05	0.10
<i>Zunongwangia</i>	0.01	0.00	0.00	0.05	0.10
<i>Leadbetterella</i>	0.02	0.00	0.00	0.05	0.10
<i>Actinosynnema</i>	0.01	0.10	0.09	0.09	0.07
<i>Methanosarcina</i>	0.12	0.01	0.01	0.03	0.10
<i>unclassified (derived from Bacteroidetes)</i>	0.01	0.00	0.00	0.04	0.10
<i>Xanthomonas</i>	0.32	0.01	0.03	0.07	0.10
<i>Spirochaeta</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.10
<i>Pelotomaculum</i>	0.09	0.01	0.01	0.03	0.10
<i>Salinispora</i>	0.03	0.09	0.09	0.10	0.10
<i>Magnetospirillum</i>	0.43	0.01	0.02	0.05	0.10
<i>Pelodictyon</i>	0.08	0.00	0.00	0.03	0.10
<i>Algoriphagus</i>	0.06	0.00	0.04	0.04	0.09
<i>Halothermothrix</i>	0.04	0.00	0.01	0.02	0.09
<i>Nitrospira</i>	0.16	0.00	0.01	0.02	0.09
<i>Herminiimonas</i>	0.80	0.01	0.04	0.09	0.05
<i>Moorella</i>	0.10	0.01	0.02	0.02	0.09
<i>Ruminococcus</i>	0.03	0.01	0.01	0.03	0.09
<i>Stigmatella</i>	0.07	0.00	0.00	0.03	0.09
<i>Chlorobaculum</i>	0.08	0.00	0.00	0.03	0.09
<i>Robiginitalea</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.09
<i>Acidobacterium</i>	0.09	0.00	0.01	0.03	0.09
<i>Carboxydotherrmus</i>	0.09	0.02	0.03	0.03	0.09
<i>Leptospira</i>	0.07	0.00	0.01	0.03	0.09
<i>Victivallis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.09
<i>Laribacter</i>	0.25	0.00	0.07	0.09	0.03
<i>Planctomyces</i>	0.11	0.00	0.01	0.02	0.09
<i>Holdemania</i>	0.01	0.00	0.01	0.05	0.09
<i>Nitrosococcus</i>	0.35	0.01	0.01	0.04	0.09
<i>Treponema</i>	0.03	0.01	0.01	0.02	0.09

<i>unclassified (derived from Flavobacteria)</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.09
<i>Herbaspirillum</i>	0.51	0.00	0.03	0.09	0.04
<i>Leeuwenhoekiella</i>	0.01	0.00	0.00	0.04	0.08
<i>Sorangium</i>	0.07	0.01	0.01	0.03	0.08
<i>unclassified (derived from Verrucomicrobia subdivision 3)</i>	0.20	0.00	0.00	0.02	0.08
<i>Syntrophomonas</i>	0.05	0.01	0.01	0.02	0.08
<i>Desulfomicrobium</i>	0.09	0.00	0.00	0.04	0.08
<i>Escherichia</i>	0.11	0.02	0.03	0.05	0.08
<i>unclassified (derived from Flavobacteriales)</i>	0.01	0.00	0.01	0.03	0.08
<i>Nitrosomonas</i>	1.17	0.00	0.03	0.05	0.08
<i>Symbiobacterium</i>	0.07	0.03	0.04	0.08	0.07
<i>unclassified (derived from Erysipelotrichaceae)</i>	0.01	0.00	0.01	0.04	0.08
<i>Thermotoga</i>	0.08	0.01	0.01	0.02	0.08
<i>Rhodospirillum</i>	0.16	0.01	0.01	0.03	0.08
<i>Thermosinus</i>	0.04	0.00	0.01	0.04	0.08
<i>Saccharomonospora</i>	0.01	0.07	0.06	0.06	0.05
<i>Thermincola</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.07
<i>Acinetobacter</i>	0.21	0.02	0.03	0.05	0.07
<i>Methylobacterium</i>	0.28	0.02	0.03	0.04	0.07
<i>Rhizobium</i>	0.18	0.03	0.04	0.05	0.07
<i>unclassified (derived from Gammaproteobacteria)</i>	0.28	0.00	0.01	0.03	0.07
<i>Heliobacterium</i>	0.05	0.01	0.01	0.02	0.07
<i>Sinorhizobium</i>	0.17	0.02	0.03	0.05	0.07
<i>Chryseobacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.04	0.07
<i>Croceibacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.07
<i>Campylobacter</i>	0.10	0.01	0.02	0.03	0.07
<i>Deinococcus</i>	0.08	0.02	0.02	0.04	0.07
<i>Bdellovibrio</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.07
<i>Nostoc</i>	0.10	0.01	0.01	0.03	0.07
<i>Chloroflexus</i>	0.13	0.01	0.01	0.03	0.06
<i>Thermobifida</i>	0.03	0.05	0.04	0.05	0.06
<i>Chloroherpeton</i>	0.05	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Dehalococcoides</i>	0.45	0.00	0.00	0.02	0.06

<i>Neisseria</i>	0.27	0.00	0.04	0.06	0.05
<i>unclassified (derived from Flavobacteriaceae)</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>Candidatus Azobacteroides</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>Rhodothermus</i>	0.07	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Brucella</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Yersinia</i>	0.13	0.01	0.02	0.03	0.06
<i>Caulobacter</i>	0.31	0.02	0.03	0.04	0.06
<i>Acidothermus</i>	0.04	0.03	0.03	0.03	0.06
<i>Pseudoalteromonas</i>	0.11	0.01	0.01	0.03	0.06
<i>Thermococcus</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Thermodesulfovibrio</i>	0.21	0.00	0.00	0.01	0.06
<i>Desulfarculus</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.06
<i>Thermus</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Chthoniobacter</i>	0.09	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Thermaerobacter</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Endoriftia</i>	0.06	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Rhodobacter</i>	0.61	0.01	0.04	0.04	0.06
<i>Rhodopirellula</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.06
<i>Aquifex</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Oligotropha</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Sulfurihydrogenibium</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Kineococcus</i>	0.02	0.04	0.04	0.04	0.05
<i>Magnetococcus</i>	0.14	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Geodermatophilus</i>	0.02	0.05	0.05	0.05	0.04
<i>Thiobacillus</i>	4.68	0.00	0.05	0.05	0.05
<i>Nitratiruptor</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Dokdonia</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Haemophilus</i>	0.05	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Rubrobacter</i>	0.08	0.03	0.03	0.04	0.05
<i>Sideroxydans</i>	1.36	0.00	0.02	0.04	0.05
<i>Denitrovibrio</i>	0.04	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Methylococcus</i>	0.29	0.00	0.01	0.03	0.05
<i>Idiomarina</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Serratia</i>	0.05	0.01	0.02	0.03	0.03
<i>Candidatus Desulforudis</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.04

<i>Starkeya</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Enterobacter</i>	0.05	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Archaeoglobus</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Thermomonospora</i>	0.02	0.05	0.04	0.05	0.05
<i>Nitrosospira</i>	0.93	0.01	0.02	0.04	0.05
<i>Salinibacter</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Gloeobacter</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Haliangium</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Dickeya</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Deferribacter</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Methanocaldococcus</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Marinobacter</i>	0.20	0.01	0.02	0.03	0.05
<i>Catenulispora</i>	0.02	0.03	0.03	0.04	0.05
<i>Ammonifex</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Coxiella</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Colwellia</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Blastopirellula</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Synechocystis</i>	0.05	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Tolomonas</i>	0.05	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Aeromonas</i>	0.12	0.01	0.02	0.03	0.05
<i>Thermosediminibacter</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Klebsiella</i>	0.05	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Thermoanaerobacterium</i>	0.02	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Legionella</i>	0.12	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Brachyspira</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Methylothermobacter</i>	1.37	0.00	0.05	0.03	0.03
<i>Nakamurella</i>	0.02	0.05	0.04	0.04	0.04
<i>Prochlorococcus</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Achromobacter</i>	0.45	0.00	0.03	0.05	0.05
<i>Nitrosopumilus</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.05
<i>Streptosporangium</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.05
<i>Pyrococcus</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Desulfurispirillum</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Maritimibacter</i>	0.05	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nitrobacter</i>	0.10	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Rhodomicrobium</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02

<i>Helicobacter</i>	0.07	0.01	0.00	0.02	0.04
<i>Neptuniibacter</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Anabaena</i>	0.07	0.00	0.01	0.02	0.04
<i>Mesorhizobium</i>	0.14	0.01	0.02	0.03	0.04
<i>Acetohalobium</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>unclassified (derived from Euryarchaeota)</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Photobacterium</i>	0.08	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Meiothermus</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.04
<i>Hahella</i>	0.13	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Desulfonatrosospira</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Psychrobacter</i>	0.08	0.03	0.03	0.04	0.04
<i>Thermosipho</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Calditerrivibrio</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Riemerella</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Cellulosilyticum</i>	0.01	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Janibacter</i>	0.01	0.04	0.04	0.04	0.04
<i>Sulfurospirillum</i>	0.04	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Dictyoglomus</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Kangiella</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Kribbella</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.04
<i>Hyphomonas</i>	0.04	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Agrobacterium</i>	0.11	0.02	0.02	0.03	0.04
<i>Clavibacter</i>	0.01	0.04	0.04	0.03	0.04
<i>Desulfohalobium</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Pirellula</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Methanococcus</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Ethanoligenens</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Congregibacter</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Methylobacillus</i>	1.09	0.01	0.04	0.04	0.04
<i>Methylocella</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ilyobacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Candidatus Cloacamonas</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Gemmata</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Kordia</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Conexibacter</i>	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04
<i>Actinobacillus</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.03

<i>Eggerthella</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Labrenzia</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Slackia</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Amycolatopsis</i>	0.02	0.04	0.04	0.04	0.04
<i>Afipia</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Photorhabdus</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Herpetosiphon</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Selenomonas</i>	0.03	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Thioalkalivibrio</i>	0.42	0.00	0.01	0.02	0.04
<i>Sphaerobacter</i>	0.10	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Thermobispora</i>	0.02	0.03	0.02	0.02	0.04
<i>Wolinella</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Verrucomicrobium</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Aurantimonas</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Psychroflexus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>unclassified (derived from</i>					
<i>Rhodobacteraceae)</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Micromonospora</i>	0.02	0.02	0.01	0.02	0.04
<i>Acidithiobacillus</i>	0.23	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Sebaldella</i>	0.01	0.01	0.02	0.02	0.04
<i>Roseomonas</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Veillonella</i>	0.02	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Polynucleobacter</i>	0.37	0.00	0.02	0.03	0.04
<i>unclassified (derived from</i>					
<i>Opiritaceae)</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Marinomonas</i>	0.09	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Ochrobactrum</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Sphingomonas</i>	0.16	0.02	0.03	0.03	0.04
<i>Acidiphilium</i>	0.07	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Pantoea</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Psychromonas</i>	0.08	0.00	0.01	0.02	0.04
<i>Methanothermobacter</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bifidobacterium</i>	0.02	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Oscillochloris</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Fervidobacterium</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Butyrivibrio</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Granulibacter</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01

<i>Dethiobacter</i>	0.03	0.01	0.01	0.01	0.04
<i>Reinekea</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Maricaulis</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Salmonella</i>	0.07	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Francisella</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Gallionella</i>	0.95	0.00	0.01	0.03	0.03
<i>Syntrophothermus</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Roseobacter</i>	0.19	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Natranaerobius</i>	0.02	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Thermanaerovibrio</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Eikenella</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanosaeta</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Gluconacetobacter</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Thermosynechococcus</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Blautia</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Methylacidiphilum</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Terriglobus</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unclassified (derived from Bacteria)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Alkalilimnicola</i>	0.17	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Trichodesmium</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unclassified (derived from Alicyclobacillaceae)</i>	0.03	0.01	0.02	0.01	0.03
<i>Arcobacter</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Sulfurimonas</i>	0.25	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Methylobacter</i>	0.23	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Propionibacterium</i>	0.02	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Sulfitobacter</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Alteromonas</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Clostridiales)</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Sulfolobus</i>	0.03	0.01	0.00	0.01	0.01
<i>Methylosinus</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Brevibacterium</i>	0.01	0.03	0.03	0.03	0.03
<i>Xanthobacter</i>	0.12	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Teredinibacter</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Stenotrophomonas</i>	0.10	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Halomonas</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Parvibaculum</i>	0.09	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Alicyclobacillus</i>	0.03	0.01	0.02	0.01	0.03
<i>Edwardsiella</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ktedonobacter</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unclassified (derived from Burkholderiales)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aliivibrio</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Cenarchaeum</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Loktanella</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Plesiocystis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Alcanivorax</i>	0.12	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Methanospirillum</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Stackebrandtia</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.03
<i>Methanoregula</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Rickettsia</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unclassified (derived from Verrucomicrobiales)</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Thermobaculum</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Acaryochloris</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Microcoleus</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Allochromatium</i>	0.18	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Cellulomonas</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Halanaerobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Saccharophagus</i>	0.07	0.00	0.00	0.02	0.03
<i>unclassified (derived from Candidatus Poribacteria)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Xylella</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Persephonella</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Acidaminococcus</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unclassified (derived from Betaproteobacteria)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Peptoniphilus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Citrobacter</i>	0.03	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Erwinia</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Mycoplasma</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Erythrobacter</i>	0.18	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Atopobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03

<i>Roseburia</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unclassified (derived from Rhodobacterales)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Coralimargarita</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unclassified (derived from Methylophilales)</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanococoides</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Beijerinckia</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Azospirillum</i>	0.08	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Intrasporangium</i>	0.01	0.01	0.00	0.01	0.03
<i>Ruegeria</i>	0.18	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Cellvibrio</i>	0.07	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Macrococcus</i>	0.00	0.02	0.03	0.01	0.01
<i>Zymomonas</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Pectobacterium</i>	0.08	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Anaerococcus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Anaerotruncus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Petrotoga</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Sulfuricurvum</i>	0.65	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Candidatus Amoebophilus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Dethiosulfovibrio</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Leifsonia</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.03
<i>Microcystis</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Oxalobacter</i>	0.17	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Nocardiopsis</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02
<i>Cronobacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Xenopus</i>	0.16	0.00	0.02	0.02	0.01
<i>Truepera</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Methanosphaerula</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Ferroglobus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanoculleus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Cryptobacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Asticcacaulis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Candidatus Pelagibacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Xylanimonas</i>	0.01	0.02	0.01	0.02	0.02
<i>Pelagibaca</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paracoccus</i>	0.11	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>unclassified (derived from Siphoviridae)</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02

<i>Thermomicrobium</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Actinomyces</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Octadecabacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sanguibacter</i>	0.01	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Chelativorans</i>	0.07	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Fibrobacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Methylovorus</i>	0.60	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Thiomonas</i>	0.29	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Nitrococcus</i>	0.09	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Leptotrichia</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Mariprofundus</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Aminobacterium</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Kosmotoga</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Arthrospira</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Akkermansia</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bartonella</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Methanocella</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Azotobacter</i>	0.11	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Providencia</i>	0.02	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Beutenbergia</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Lentisphaera</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Collinsella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Anaerobaculum</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Hydrogenivirga</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hyphomicrobium</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Kingella</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Pasteurella</i>	0.02	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Bermanella</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ferrimonas</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Proteus</i>	0.02	0.01	0.02	0.01	0.01
<i>Dehalogenimonas</i>	0.11	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Chromohalobacter</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Gluconobacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Beggiatoa</i>	0.09	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Actinobacteria (class))</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02

<i>Peptostreptococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02
<i>Ketogulonicigenium</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Simonsiella</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Segniliparus</i>	0.00	0.02	0.02	0.02	0.01
<i>Arabidopsis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thiomicrospira</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Sagittula</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erysipelothrix</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Borrelia</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Finegoldia</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Citricella</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sphingopyxis</i>	0.10	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Citromicrobium</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrobaculum</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oceanicaulis</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sulfurovum</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Faecalibacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Hoeflea</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Azorhizobium</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Elusimicrobia)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Lawsonia</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Halorhodospira</i>	0.10	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Thermotogales)</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Oscillatoria</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Dichelobacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Turicibacter</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Candidatus Protochlamydia</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Shigella</i>	0.02	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Nematostella</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Hydrogenobaculum</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Prosthecochloris</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Coprothermobacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cardiobacterium</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hydrogenobacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Lyngbya</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oceanithermus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Brevundimonas</i>	0.08	0.00	0.00	0.02	0.01
<i>Moritella</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanobrevibacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermoplasma</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Abiotrophia</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Alphaproteobacteria)</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Kytococcus</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Aminomonas</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Dictyostelium</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Sphingobium</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Aciduliprofundum</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Blattabacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Pseudovibrio</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Buchnera</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ricinus</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Lactococcus</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Vibrionaceae)</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Histophilus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Halothiobacillus</i>	0.11	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Coprococcus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Anaerostipes</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>unclassified (derived from Lachnospiraceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Nautilia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sodalis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermocrinis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dorea</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Hydra</i>	0.25	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Brachybacterium</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Limnobacter</i>	0.17	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Oceanibulbus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oribacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>unclassified (derived from Myoviridae)</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Jonesia</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Anaerofustis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Mobiluncus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Phenylobacterium</i>	0.09	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Bpp-1-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Fulvimarina</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Renibacterium</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Aeromicrobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ahrensia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanohalophilus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Campylobacterales)</i>	0.11	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Puniceispirillum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nodularia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Crocospaera</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Enhydrobacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acholeplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Olsenella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Basfia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Xenorhabdus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chlamydophila</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Roseovarius</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Physcomitrella</i>	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Megasphaera</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Ruminococcaceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Methanopyrus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Mitsuokella</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Rothia</i>	0.01	0.01	0.00	0.00	0.01
<i>Subdoligranulum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aggregatibacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caenorhabditis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Roseibium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermofilum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oceanicola</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Parvularcula</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pyramidobacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Kocuria</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Phaeobacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Acetobacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Acidimicrobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Filifactor</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Wolbachia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanohalobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanoplanus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Waddlia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>unclassified (derived from Alteromonadales)</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dialister</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Leuconostoc</i>	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Drosophila</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Staphylothermus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Micrococcus</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Cylindrospermopsis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thalassobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bos</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Korarchaeum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Haloarcula</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hirschia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cyanobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Parachlamydia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanothermus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Carnobacterium</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Methanosphaera</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptobacillus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dermacoccus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methylophaga</i>	0.06	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aeropyrum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlamydia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Rickettsiella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bulleidia</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Epulopiscium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanocorpusculum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Picrophilus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Caminiibacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Natronomonas</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Catenibacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Pediococcus</i>	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Granulicatella</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Ostreococcus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Jannaschia</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>unclassified (derived from Clostridiales</i>					
<i>Family XI. Incertae Sedis)</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Moraxella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Shuttleworthia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dinoroseobacter</i>	0.07	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Populus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Coprobacillus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ignicoccus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Sulcia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Schizosaccharomyces</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hyperthermus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mannheimia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ehrlichia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Halobacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trichomonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Metallosphaera</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aerococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Naegleria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oenococcus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Haloterrigena</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Mus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pseudoramibacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Hamiltonella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phytophthora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Jonquetella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Halogeometricum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oryza</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Arcanobacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nanoarchaeum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gibberella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thalassiosira</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Caldivirga</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Volvox</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Raphidiopsis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anopheles</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chlamydomonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Rattus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Homo</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tropheryma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Rickettsiales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Phytoplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aspergillus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haloferax</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neosartorya</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Branchiostoma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vulcanisaeta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Saccharomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haloquadratum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phaeodactylum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Selaginella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gemella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Blochmannia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Regiella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Desulfurococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Danio</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Micromonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gardnerella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halorhabdus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanothermococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mesoplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halalkalicoccus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halorubrum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ustilago</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Catonella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Monosiga</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmodium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Viruses)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Orientia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>P2-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ferroplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leishmania</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Vibrionales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anaplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermosphaera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>N4-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neorickettsia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Proteobacteria)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paramecium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Filobasidiella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trypanosoma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aedes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Strongylocentrotus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halomicrobium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trichoplax</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ureaplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Entamoeba</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neurospora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Chroococcales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eremococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Podoviridae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yarrowia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Epsilon15-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ignisphaera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sorghum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>L5-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vitis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ixodes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tetrahymena</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Penicillium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Kluyveromyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acidilobus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Natrialba</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Scheffersomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Nakaseomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Laccaria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Emericella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Liberibacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Perkinsus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Apis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pediculus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>T4-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lambda-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gallus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermoproteus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Scardovia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ciona</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Weissella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Magnaporthe</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Caudovirales)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from other sequences)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phaeosphaeria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schizophyllum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Taeniopygia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tribolium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Guillardia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sclerotinia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Monodelphis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Parascardovia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Porphyra</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nectria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Canis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eremothecium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Toxoplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coccidioides</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Encephalitozoon</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pongo</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wigglesworthia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brugia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Schistosoma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ailuropoda</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pan</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Malassezia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Saccoglossus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Talaromyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coprinopsis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Botryotinia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Emiliana</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptosporidium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanophora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Debaryomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Culex</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Giardia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paulinella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tuber</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Macaca</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pichia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Verticillium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanidium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acyrtosiphon</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrenophora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ajellomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Riesia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chaetomium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nasonia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterocytozoon</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lodderomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanidioschyzon</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Podospora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Postia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leptospirillum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Moniliophthora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Arthroderma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Babesia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Clavispora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Meyerozyma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Theileria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>LUZ24-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ornithorhynchus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Zygosaccharomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Uncinocarpus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Equus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vanderwaltozyma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gracilaria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lachancea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nephroselmis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oryctolagus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>SPO1-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aureococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chaetosphaeridium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>phiKMV-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>T7-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bicaudavirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chara</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Loa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Odontella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>P22-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vaucheria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ornithobacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paracoccidioides</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Prototheca</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Reclinomonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Zinderia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorokybus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Heterosigma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Marchantia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Prasinovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Adiantum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cafeteria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Chrysodidymus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptomonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trichophyton</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Pelagophyceae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Callithrix</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Hodgkinia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Durinskia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fluoribacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Kryptoperidinium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mesostigma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nosema</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhodomonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from Phycodnaviridae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sporosarcina</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Carsonella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptomeria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cycas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ectocarpus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Euglena</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Huperzia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ochromonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oltmannsiellopsis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>P1-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Psilotum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyramimonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>SP6-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synedra</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anthoceros</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Collimonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Inovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oedogonium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staurastrum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Daucus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Floydiella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Zygnema</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acorus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Aethionema</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Allomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Alphabaculovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Carica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coccolithovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cuscuta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eimeria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erodium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Glaciecicola</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Jasminum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Listonella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Loligo</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mu-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudendoclonium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pycnococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ranunculus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>SPbeta-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Saprolegnia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Scenedesmus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>T5-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ventriofossa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>phiKZ-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Amborella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Angiopteris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Asfvirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bryopsis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chloriridovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cochliomyia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ephedra</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Glycine</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gnetum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicosporidium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Iridovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lemna</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Monomastix</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Morus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>N15-like viruses</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nicotiana</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nuphar</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Patiria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pleurozia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Polytomella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ricordea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Spizellomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Stigeoclonium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Triticum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Typha</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Varicellovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Whispovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>unclassified (derived from</i>					
<i>Alloherpesviridae)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bigelowiella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Citrus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coturnix</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Equisetum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fucus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oenothera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pinus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pylaiella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Syntrichia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Welwitschia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycosphaerella</i>	0	0	5.063E-05	0	0

F

Orgnism/Spices	Bacterial abundance[%]				
	Day				
	-30	0	1	6	19
<i>Abiotrophia defectiva</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Acanthocystis turfacea</i> <i>Chlorella virus</i> <i>I</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acaryochloris marina</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Acetivibrio cellulolyticus</i>	0.02	0.00	0.01	0.03	0.12
<i>Acetobacter pasteurianus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Acetohalobium arabaticum</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Acholeplasma laidlawii</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Achromobacter denitrificans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Achromobacter piechaudii</i>	0.18	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	0.27	0.00	0.02	0.03	0.03
<i>Acidaminococcus fermentans</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Acidaminococcus sp. D21</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Acidilobus saccharovorans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acidimicrobium ferrooxidans</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Acidiphilium cryptum</i>	0.07	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Acidithiobacillus caldus</i>	0.06	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Acidithiobacillus ferrooxidans</i>	0.17	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Acidobacterium capsulatum</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Acidobacterium sp. MP5ACTX8</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Acidobacterium sp. MP5ACTX9</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Acidothermus cellulolyticus</i>	0.04	0.03	0.03	0.03	0.06
<i>Acidovorax avenae</i>	0.60	0.00	0.06	0.06	0.03
<i>Acidovorax citrulli</i>	2.30	0.01	0.28	0.30	0.13
<i>Acidovorax delafieldii</i>	2.92	0.00	0.58	0.69	0.09
<i>Acidovorax ebreus</i>	0.40	0.00	0.04	0.06	0.02
<i>Acidovorax sp. JS42</i>	2.94	0.01	0.38	0.43	0.16
<i>Aciduliprofundum boonei</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Acinetobacter baumannii</i>	0.09	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter genomosp. 13TU</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter genomosp. 3</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter junii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter phage Acj61</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter phage Acj9</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter radioresistens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter sp. ADPI</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Acinetobacter sp. ATCC 27244</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter sp. DRI</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acinetobacter venetianus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acorus calamus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinobacillus minor</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Actinobacillus succinogenes</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Actinomyces coleocanis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinomyces odontolyticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Actinomyces sp. oral taxon 180</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinomyces sp. oral taxon 848</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinomyces urogenitalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Actinomyces viscosus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinoplanes phage phiAsp2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Actinosynnema mirum</i>	0.01	0.10	0.09	0.09	0.07
<i>Acyrtosiphon pisum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Adiantum capillus-veneris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aedes aegypti</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aerococcus viridans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aeromicrobium marinum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aeromonas caviae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aeromonas hydrophila</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Aeromonas phage phiO18P</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aeromonas salmonicida</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.02

<i>Aeropyrum pernix</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aethionema cordifolium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Afipia sp. INLS2</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>African swine fever virus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aggregatibacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>actinomycetemcomitans</i>					
<i>Aggregatibacter aphrophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aggregatibacter segnis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Agrobacterium rhizogenes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	0.08	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Agrobacterium vitis</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ahrensia sp. R2A130</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ailuropoda melanoleuca</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ajellomyces capsulatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ajellomyces dermatitidis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Albidiferax ferrireducens</i>	5.83	0.01	0.28	0.41	0.39
<i>Alcanivorax borkumensis</i>	0.08	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Alcanivorax sp. DG881</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Algoriphagus sp. PR1</i>	0.06	0.00	0.04	0.04	0.09
<i>Alicyclophilus denitrificans</i>	1.03	0.00	0.13	0.15	0.05
<i>Alicyclobacillus acidocaldarius</i>	0.03	0.01	0.02	0.01	0.03
<i>Aliivibrio fischeri</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Aliivibrio salmonicida</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Alistipes putredinis</i>	0.01	0.00	0.00	0.05	0.19
<i>Alkalilimnicola ehrlichii</i>	0.17	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Alkaliphilus metalliredigens</i>	0.05	0.03	0.05	0.15	0.23
<i>Alkaliphilus oremlandii</i>	0.03	0.03	0.04	0.10	0.14
<i>Allochromatium vinosum</i>	0.18	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Allomyces macrogynus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Alteromonadales bacterium TW-7</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Alteromonas macleodii</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Amborella trichopoda</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aminobacterium colombiense</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Aminomonas paucivorans</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Ammonifex degensii</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.03

<i>Amycolatopsis mediterranei</i>	0.02	0.04	0.04	0.04	0.04
<i>Anabaena azollae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Anabaena variabilis</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Anaerobaculum hydrogeniformans</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Anaerococcus hydrogenalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anaerococcus lactolyticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anaerococcus prevotii</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Anaerococcus tetradius</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anaerococcus vaginalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anaerofustis stercorihominis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Anaeromyxobacter dehalogenans</i>	0.16	0.01	0.01	0.08	0.22
<i>Anaeromyxobacter sp. Fw109-5</i>	0.13	0.01	0.01	0.06	0.15
<i>Anaeromyxobacter sp. K</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Anaerostipes caccae</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Anaerotruncus colihominis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Anaplasma centrale</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anaplasma marginale</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Angiopteris evecta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anguillid herpesvirus 1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Anopheles gambiae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Anoxybacillus flavithermus</i>	0.01	0.35	0.49	0.04	0.02
<i>Anthoceros formosae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Apis mellifera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aquifex aeolicus</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Arabidopsis lyrata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Arabidopsis thaliana</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Arcanobacterium haemolyticum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Archaeoglobus fulgidus</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Archaeoglobus profundus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Arcobacter butzleri</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Arcobacter nitrofigilis</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Aromatoleum aromaticum</i>	1.76	0.01	0.13	0.17	0.10
<i>Arthrobacter arilaitensis</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Arthrobacter aurescens</i>	0.02	0.07	0.07	0.06	0.06
<i>Arthrobacter chlorophenolicus</i>	0.01	0.02	0.03	0.02	0.02
<i>Arthrobacter nitroguajacolicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Arthrobacter sp. AK-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Arthrobacter sp. Chr15</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Arthrobacter sp. FB24</i>	0.02	0.07	0.07	0.07	0.06
<i>Arthroderma benhamiae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Arthroderma gypseum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Arthroderma otae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Arthrospira maxima</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Arthrospira platensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aspergillus clavatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aspergillus flavus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aspergillus niger</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aspergillus oryzae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aspergillus terreus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aster yellows witches'-broom phytoplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Asticcacaulis excentricus</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Atopobium parvulum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Atopobium rimae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Atopobium vaginae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aurantimonas manganoxydans</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aureococcus anophagefferens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aureoumbra lagunensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azoarcus sp. BH72</i>	1.60	0.01	0.09	0.13	0.08
<i>Azorhizobium caulinodans</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Azospirillum phage Cd</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azospirillum sp. B510</i>	0.08	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Azotobacter vinelandii</i>	0.11	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Babesia bovis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	0.01	0.27	0.37	0.04	0.04
<i>Bacillus anthracis</i>	0.01	0.16	0.20	0.02	0.01
<i>Bacillus atrophaeus</i>	0.00	0.08	0.12	0.01	0.01
<i>Bacillus cellulosilyticus</i>	0.01	0.13	0.18	0.02	0.02
<i>Bacillus cereus</i>	0.04	1.24	1.43	0.13	0.09
<i>Bacillus clausii</i>	0.02	0.17	0.24	0.03	0.04
<i>Bacillus coagulans</i>	0.01	0.14	0.20	0.02	0.01
<i>Bacillus coahuilensis</i>	0.00	0.12	0.16	0.01	0.01

<i>Bacillus cytotoxicus</i>	0.01	0.43	0.50	0.04	0.02
<i>Bacillus halodurans</i>	0.03	0.30	0.42	0.05	0.05
<i>Bacillus licheniformis</i>	0.02	0.38	0.54	0.05	0.04
<i>Bacillus megaterium</i>	0.01	0.44	0.62	0.05	0.03
<i>Bacillus methanolicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus mycoides</i>	0.00	0.19	0.19	0.01	0.01
<i>Bacillus phage 0305phi8-36</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus phage BCJA1c</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus phage IEBH</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus phage SPO1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus phage SPP1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus phage SPbeta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus phage TP21-L</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus phage phi105</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus pseudofirmus</i>	0.01	0.14	0.20	0.02	0.02
<i>Bacillus pseudomycooides</i>	0.00	0.10	0.10	0.01	0.00
<i>Bacillus pumilus</i>	0.02	0.30	0.43	0.03	0.03
<i>Bacillus selenitireducens</i>	0.01	0.07	0.10	0.01	0.02
<i>Bacillus sp. B14905</i>	0.01	0.36	0.53	0.04	0.02
<i>Bacillus sp. BS-01</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus sp. BS-02</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus sp. NRRL B-14911</i>	0.01	1.74	2.45	0.14	0.03
<i>Bacillus sp. SG-1</i>	0.01	0.36	0.51	0.03	0.01
<i>Bacillus sp. m3-13</i>	0.00	0.23	0.33	0.02	0.01
<i>Bacillus subtilis</i>	0.03	0.70	0.97	0.09	0.08
<i>Bacillus thuringiensis</i>	0.02	0.54	0.65	0.06	0.05
<i>Bacillus tusciae</i>	0.03	0.01	0.02	0.01	0.03
<i>Bacillus virus 1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacillus weihenstephanensis</i>	0.00	0.15	0.16	0.02	0.01
<i>Bacteroides caccae</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Bacteroides capillosus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Bacteroides cellulosilyticus</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.07
<i>Bacteroides coprocola</i>	0.00	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>Bacteroides coprophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Bacteroides dorei</i>	0.00	0.00	0.00	0.03	0.05
<i>Bacteroides eggerthii</i>	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04

<i>Bacteroides fingoldii</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bacteroides fragilis</i>	0.02	0.00	0.00	0.13	0.31
<i>Bacteroides intestinalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>Bacteroides ovatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Bacteroides pectinophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Bacteroides phage B40-8</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacteroides plebeius</i>	0.00	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>Bacteroides sp. 1_1_14</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacteroides sp. 1_1_6</i>	0.01	0.00	0.00	0.07	0.16
<i>Bacteroides sp. 20_3</i>	0.01	0.00	0.00	0.07	0.16
<i>Bacteroides sp. 2_1_16</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.08
<i>Bacteroides sp. 2_1_22</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacteroides sp. 2_1_33B</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bacteroides sp. 2_1_7</i>	0.00	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>Bacteroides sp. 2_2_4</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bacteroides sp. 3_1_19</i>	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Bacteroides sp. 3_1_23</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bacteroides sp. 3_1_33FAA</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Bacteroides sp. 3_2_5</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bacteroides sp. 4_3_47FAA</i>	0.01	0.00	0.00	0.05	0.10
<i>Bacteroides sp. 9_1_42FAA</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bacteroides sp. D1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Bacteroides sp. D2</i>	0.00	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Bacteroides sp. D20</i>	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Bacteroides sp. D22</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Bacteroides stercoris</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	0.01	0.00	0.00	0.08	0.16
<i>Bacteroides uniformis</i>	0.00	0.00	0.00	0.03	0.05
<i>Bacteroides vulgatus</i>	0.01	0.00	0.00	0.08	0.16
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bacteroidetes oral taxon 274</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.08
<i>Bartonella bacilliformis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bartonella grahamii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bartonella henselae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bartonella quintana</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bartonella tribocorum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Bathycoccus sp. RCC1105 virus BpV</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bdellovibrio bacteriovorus</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.07
<i>Beggiatoa sp. PS</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Beggiatoa sp. SS</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Beijerinckia indica</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Bermanella marisrubri</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Beutenbergia cavernae</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Bifidobacterium angulatum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacterium animalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacterium bifidum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacterium breve</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacterium dentium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacterium gallicum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bifidobacterium longum</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bigelowiella natans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Birmingham IncP-alpha plasmid</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Blastopirellula marina</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Blattabacterium sp. (Blattella germanica)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Blattabacterium sp. (Periplaneta americana)</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Blautia hansenii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Bordetella avium</i>	0.15	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Bordetella bronchiseptica</i>	0.30	0.01	0.03	0.04	0.03
<i>Bordetella parapertussis</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Bordetella pertussis</i>	0.12	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Bordetella petrii</i>	0.21	0.01	0.02	0.03	0.02
<i>Bordetella phage BMP-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bordetella phage BPP-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Borrelia afzelii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia bavariensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia burgdorferi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Borrelia duttonii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia garinii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia hermsii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia recurrentis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia sp. SV1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia spielmanii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia turicatae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Borrelia valaisiana</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bos taurus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Botryotinia fuckeliana</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brachybacterium faecium</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Brachyspira hyodysenteriae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Brachyspira murdochii</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Brachyspira pilosicoli</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	0.18	0.02	0.03	0.04	0.05
<i>Bradyrhizobium sp. BTA1</i>	0.18	0.02	0.02	0.03	0.05
<i>Bradyrhizobium sp. ORS278</i>	0.09	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Branchiostoma floridae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brevibacillus brevis</i>	0.02	0.14	0.20	0.03	0.05
<i>Brevibacterium linens</i>	0.01	0.03	0.02	0.03	0.02
<i>Brevibacterium mcbrellneri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brevundimonas sp. BAL3</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Brevundimonas subvibrioides</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Brucella abortus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella canis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella ceti</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella melitensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Brucella microti</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella neotomae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella ovis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella pinnipedialis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella sp. 83/13</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella sp. BO1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella sp. BO2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella sp. F5/99</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella sp. NF 2653</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Brucella sp. NVSL 07-0026</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brucella suis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Brugia malayi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Bryopsis hypnoides</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Buchnera aphidicola</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Bulleidia extracta</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Burkholderia ambifaria</i>	0.25	0.01	0.03	0.04	0.03
<i>Burkholderia cenocepacia</i>	0.29	0.02	0.03	0.05	0.04
<i>Burkholderia cepacia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia dolosa</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Burkholderia glumae</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Burkholderia graminis</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Burkholderia mallei</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Burkholderia multivorans</i>	0.16	0.00	0.02	0.03	0.02
<i>Burkholderia oklahomensis</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage Bcep1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage Bcep176</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage Bcep22</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage Bcep781</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage BcepB1A</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage BcepC6B</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage BcepGomr</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage BcepIL02</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage BcepMu</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage BcepNY3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage BcepNazgul</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage KS9</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage phi1026b</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage phi52237</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage phi644-2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage phiE125</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage phiE202</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phage phiE255</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia phymatum</i>	0.20	0.00	0.02	0.02	0.03
<i>Burkholderia phytofirmans</i>	0.08	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	0.47	0.01	0.04	0.06	0.06

<i>Burkholderia rhizoxinica</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Burkholderia sp. 383</i>	0.16	0.02	0.03	0.03	0.03
<i>Burkholderia sp. CCGE1001</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia sp. CCGE1002</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Burkholderia sp. CCGE1003</i>	0.08	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Burkholderia sp. Ch1-1</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Burkholderia sp. H160</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Burkholderia thailandensis</i>	0.14	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Burkholderia ubonensis</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Burkholderia vietnamiensis</i>	0.16	0.02	0.03	0.04	0.03
<i>Burkholderia xenovorans</i>	0.36	0.05	0.07	0.08	0.06
<i>Burkholderiales bacterium 1_1_47</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Butyrivibrio crossotus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caenorhabditis briggsae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Caenorhabditis elegans</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caenorhabditis remanei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cafeteria roenbergensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cafeteria roenbergensis virus BV-PW1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Caldanaerobacter subterraneus</i>	0.07	0.01	0.02	0.06	0.13
<i>Caldicellulosiruptor bescii</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Caldicellulosiruptor hydrothermalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caldicellulosiruptor kristjanssonii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caldicellulosiruptor kronotskyensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caldicellulosiruptor lactoaceticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Caldicellulosiruptor obsidiansis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caldicellulosiruptor owensensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Caldicellulosiruptor saccharolyticus</i>	0.05	0.01	0.01	0.04	0.09
<i>Calditerrivibrio nitroreducens</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Caldivirga maquilingensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Callithrix jacchus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Calyptogena okutanii thioautotrophic gill symbiont</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Caminibacter mediatlanticus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Campylobacter coli</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Campylobacter concisus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Campylobacter curvus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Campylobacter fetus</i>	0.02	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Campylobacter gracilis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Campylobacter hominis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Campylobacter jejuni</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Campylobacter lari</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Campylobacter rectus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Campylobacter showae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Campylobacter upsaliensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Campylobacterales bacterium GD 1</i>	0.11	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candida albicans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candida dubliniensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candida glabrata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candida tropicalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Accumulibacter phosphatis</i>	1.44	0.00	0.02	0.11	0.08
<i>Candidatus Amoebophilus asiaticus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Candidatus Azobacteroides pseudotrichonymphae</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>Candidatus Baumannia cicadellinicola</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Blochmannia floridanus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Blochmannia pennsylvanicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Carsonella ruddii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Cloacamonas acidaminovorans</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Candidatus Desulforudis audaxviator</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Candidatus Hamiltonella defensa</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Hodgkinia cicadicola</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Korarchaeum cryptofilum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Koribacter versatilis</i>	0.14	0.01	0.02	0.06	0.16
<i>Candidatus Liberibacter asiaticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Liberibacter solanacearum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Nitrospira defluvii</i>	0.16	0.00	0.01	0.02	0.09
<i>Candidatus Pelagibacter sp. HTCC7211</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Pelagibacter ubique</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Phytoplasma australiense</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Candidatus Phytoplasma mali</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Poribacteria sp. WGA-A3</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Protochlamydia amoebophila</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Puniceispirillum marinum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Regiella insecticola</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Riesia pediculicola</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Ruthia magnifica</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Solibacter usitatus</i>	0.26	0.01	0.02	0.08	0.22
<i>Candidatus Sulcia muelleri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Candidatus Zinderia insecticola</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Canis lupus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Capnocytophaga ochracea</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.07
<i>Capnocytophaga sputigena</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Carboxydotherrmus hydrogenoformans</i>	0.09	0.02	0.03	0.03	0.09
<i>Cardiobacterium hominis</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Carica papaya</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Carnobacterium sp. AT7</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Catenibacterium mitsuokai</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Catenulispora acidiphila</i>	0.02	0.03	0.03	0.04	0.05
<i>Catonella morbi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Caulobacter segnis</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Caulobacter sp. K31</i>	0.11	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Caulobacter vibrioides</i>	0.16	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Cellulomonas flavigena</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Cellvibrio japonicus</i>	0.07	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Cenarchaeum symbiosum</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cercopithecine herpesvirus 9</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chaetomium globosum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chaetosphaeridium globosum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chara vulgaris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chelativorans sp. BNC1</i>	0.07	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Chitinophaga pinensis</i>	0.04	0.00	0.01	0.11	0.23
<i>Chlamydia muridarum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlamydia trachomatis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chlamydophila abortus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlamydophila caviae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlamydophila felis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlamydophila pneumoniae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlamydophila psittaci</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorella vulgaris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorobaculum parvum</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Chlorobaculum tepidum</i>	0.06	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Chlorobium chlorochromatii</i>	0.05	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Chlorobium ferrooxidans</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Chlorobium limicola</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Chlorobium phaeobacteroides</i>	0.12	0.00	0.01	0.04	0.14
<i>Chlorobium phaeovibrioides</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Chloroflexus aggregans</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Chloroflexus aurantiacus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chloroflexus sp. Y-400-fl</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Chloroherpeton thalassium</i>	0.05	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Chlorokybus atmophyticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chromobacterium violaceum</i>	0.54	0.01	0.38	0.45	0.06
<i>Chromohalobacter salexigens</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Chryseobacterium gleum</i>	0.01	0.00	0.00	0.04	0.07
<i>Chrysodeixis chalcites nucleopolyhedrovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chrysodidymus synuroideus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chthoniobacter flavus</i>	0.09	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Ciona intestinalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Citricella sp. SE45</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Citrobacter koseri</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Citrobacter rodentium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Citrobacter sp. 30_2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Citrobacter youngae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Citromicrobium bathyomarinum</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Citrus sinensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clavibacter michiganensis</i>	0.01	0.04	0.04	0.03	0.04
<i>Clavibacter phage CMP1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Clavispora lusitaniae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridiales bacterium I_7_47FAA</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridiales genomosp. BVAB3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Clostridium acetobutylicum</i>	0.02	0.01	0.02	0.09	0.15
<i>Clostridium asparagiforme</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridium bartlettii</i>	0.01	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Clostridium beijerinckii</i>	0.03	0.03	0.05	0.12	0.20
<i>Clostridium bolteae</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridium botulinum</i>	0.06	0.07	0.10	0.27	0.48
<i>Clostridium butyricum</i>	0.01	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Clostridium carboxidivorans</i>	0.01	0.01	0.02	0.13	0.19
<i>Clostridium cellulolyticum</i>	0.02	0.01	0.02	0.05	0.38
<i>Clostridium cellulovorans</i>	0.01	0.01	0.02	0.06	0.14
<i>Clostridium difficile</i>	0.03	0.03	0.04	0.10	0.15
<i>Clostridium hathewayi</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridium hiranonis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridium hylemonae</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridium kluuyveri</i>	0.02	0.02	0.03	0.10	0.18
<i>Clostridium lentocellum</i>	0.01	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Clostridium leptum</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridium ljungdahlii</i>	0.01	0.01	0.01	0.07	0.12
<i>Clostridium methylpentosum</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridium nexile</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Clostridium novyi</i>	0.02	0.01	0.02	0.08	0.14
<i>Clostridium papyrosolvens</i>	0.01	0.01	0.01	0.02	0.19
<i>Clostridium perfringens</i>	0.03	0.02	0.04	0.09	0.16
<i>Clostridium phage 39-O</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridium phage D-1873</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridium phage c-st</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Clostridium phage phi CD119</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridium phage phiC2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridium phage phiCD27</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridium phage phiCTP1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridium phytofermentans</i>	0.01	0.02	0.03	0.05	0.13
<i>Clostridium proteoclasticum</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Clostridium ramosum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Clostridium saccharolyticum</i>	0.01	0.01	0.01	0.03	0.06
<i>Clostridium scindens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Clostridium sp. 7_2_43FAA</i>	0.01	0.01	0.01	0.03	0.05
<i>Clostridium sp. HGF2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Clostridium sp. L2-50</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Clostridium sp. M62/1</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Clostridium sp. MCF-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Clostridium sp. SS2/1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Clostridium spiroforme</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Clostridium sporogenes</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Clostridium sticklandii</i>	0.01	0.01	0.02	0.07	0.09
<i>Clostridium thermocellum</i>	0.06	0.02	0.03	0.07	0.26
<i>Coccidioides immitis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coccidioides posadasii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cochliomyia hominivorax</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Collimonas fungivorans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Collinsella aerofaciens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Collinsella intestinalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Collinsella stercoris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Colwellia psychrerythraea</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Comamonas sp. CNB-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Comamonas testosteroni</i>	0.89	0.00	0.11	0.11	0.15
<i>Conexibacter woesei</i>	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04
<i>Congregibacter litoralis</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Coprinopsis cinerea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coprobacillus sp. D7</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Coprococcus comes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Coprococcus eutactus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Coprothermobacter proteolyticus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Coralimargarita akajimensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Corynebacterium accolens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium ammoniagenes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium amycolatum</i>	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	0.00	0.01	0.00	0.01	0.01
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	0.01	0.03	0.03	0.03	0.03
<i>Corynebacterium efficiens</i>	0.01	0.05	0.05	0.05	0.03

<i>Corynebacterium genitalium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium glucuronolyticum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	0.01	0.08	0.08	0.07	0.05
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	0.01	0.03	0.02	0.02	0.02
<i>Corynebacterium kroppenstedtii</i>	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium lipophiloflavum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium matruchotii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium phage P1201</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.00
<i>Corynebacterium pseudogenitalium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00
<i>Corynebacterium resistens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium sp. L2-79-05</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium striatum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium tuberculostearicum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Corynebacterium urealyticum</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Coturnix japonica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Coxiella burnetii</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Croceibacter atlanticus</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.07
<i>Crocospaera watsonii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cronobacter sakazakii</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Cronobacter turicensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptobacterium curtum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Cryptococcus neoformans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptomeria japonica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptomonas paramecium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptosporidium hominis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptosporidium muris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cryptosporidium parvum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Culex quinquefasciatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cupriavidus metallidurans</i>	0.70	0.01	0.07	0.09	0.06
<i>Cupriavidus necator</i>	0.55	0.02	0.06	0.07	0.05
<i>Cupriavidus pinatubonensis</i>	0.48	0.02	0.06	0.08	0.05
<i>Cupriavidus taiwanensis</i>	0.13	0.00	0.01	0.02	0.01
<i>Cuscuta reflexa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanidioschyzon merolae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanidium caldarium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Cyanobium sp. PCC 7001</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanophora paradoxa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cyanothece sp. ATCC 51142</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Cyanothece sp. CCY0110</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cyanothece sp. PCC 7424</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Cyanothece sp. PCC 7425</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Cyanothece sp. PCC 7822</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Cyanothece sp. PCC 8801</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cyanothece sp. PCC 8802</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Cycas taitungensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cylindrospermopsis raciborskii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Cytophaga hutchinsonii</i>	0.05	0.00	0.01	0.09	0.23
<i>Danio rerio</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Daucus carota</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Debaryomyces hansenii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dechloromonas aromatica</i>	2.75	0.03	0.10	0.85	0.21
<i>Deferribacter desulfuricans</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Deftia phage phiW-14</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dehalococcoides ethenogenes</i>	0.12	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Dehalococcoides sp. BAV1</i>	0.11	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dehalococcoides sp. CBDB1</i>	0.13	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Dehalococcoides sp. GT</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dehalococcoides sp. VS</i>	0.05	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dehalogenimonas lykanthroporepellens</i>	0.11	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Deinococcus deserti</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Deinococcus geothermalis</i>	0.04	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Deinococcus radiodurans</i>	0.02	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Delftia acidovorans</i>	1.39	0.01	0.17	0.18	0.12
<i>Denitrovibrio acetiphilus</i>	0.04	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Dermacoccus sp. Ellin185</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Desulfarculus baarsii</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.06
<i>Desulfatibacillum alkenivorans</i>	0.18	0.00	0.01	0.03	0.20
<i>Desulfitobacterium hafniense</i>	0.11	0.08	0.12	0.10	0.26
<i>Desulfobacterium autotrophicum</i>	0.10	0.00	0.00	0.02	0.14
<i>Desulfococcus oleovorans</i>	0.15	0.00	0.00	0.03	0.19
<i>Desulfohalobium retbaense</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.04

<i>Desulfomicrobium baculatum</i>	0.09	0.00	0.00	0.04	0.08
<i>Desulfonatronospira thiodismutans</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Desulfotalea psychrophila</i>	0.13	0.00	0.00	0.03	0.12
<i>Desulfotomaculum acetoxidans</i>	0.05	0.01	0.02	0.02	0.08
<i>Desulfotomaculum reducens</i>	0.08	0.05	0.08	0.04	0.12
<i>Desulfovibrio aespoeensis</i>	0.03	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Desulfovibrio desulfuricans</i>	0.09	0.01	0.01	0.06	0.10
<i>Desulfovibrio fructosovorans</i>	0.03	0.00	0.00	0.03	0.04
<i>Desulfovibrio magneticus</i>	0.06	0.00	0.00	0.05	0.07
<i>Desulfovibrio piger</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Desulfovibrio salexigens</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Desulfovibrio sp. 3_1_syn3</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Desulfovibrio sp. FW1012B</i>	0.04	0.00	0.00	0.04	0.04
<i>Desulfovibrio vulgaris</i>	0.13	0.01	0.01	0.08	0.16
<i>Desulfurispirillum indicum</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Desulfurivibrio alkaliphilus</i>	0.20	0.00	0.00	0.02	0.12
<i>Desulfurococcus kamchatkensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Desulfuromonas acetoxidans</i>	0.07	0.00	0.00	0.05	0.20
<i>Dethiobacter alkaliphilus</i>	0.03	0.01	0.01	0.01	0.04
<i>Dethiosulfovibrio peptidovorans</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Dialister invisus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dialister micraerophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dichelobacter nodosus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dickeya dadantii</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Dickeya zeae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dictyoglomus thermophilum</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Dictyoglomus turgidum</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Dictyostelium citrinum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dictyostelium discoideum</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Dinoroseobacter shibae</i>	0.07	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dokdonia donghaensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Dorea formicigenerans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Dorea longicatena</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Drosophila ananassae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila erecta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila grimshawi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Drosophila melanogaster</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila mojavensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila persimilis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila pseudoobscura</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila sechellia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila simulans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila virilis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila willistoni</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Drosophila yakuba</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Durinskia baltica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dyadobacter fermentans</i>	0.04	0.00	0.01	0.10	0.20
<i>Ectocarpus siliculosus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Edwardsiella ictaluri</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Edwardsiella tarda</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Eggerthella lenta</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Ehrlichia canis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ehrlichia chaffeensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ehrlichia ruminantium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eikenella corrodens</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eimeria tenella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Elusimicrobium minutum</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.14
<i>Emericella nidulans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Emiliana huxleyi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Emiliana huxleyi virus 86</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Encephalitozoon cuniculi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Encephalitozoon intestinalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Endoriftia persephone</i>	0.06	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Endosymbiont phage APSE-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enhydrobacter aerosaccus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Entamoeba dispar</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Entamoeba histolytica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacter aerogenes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacter cancerogenus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacter cloacae</i>	0.03	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Enterobacter sp. 638</i>	0.02	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Enterobacter sp. RFL1396</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Enterobacteria phage 13a</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage BA14</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage CC31</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage ES18</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage Era103</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage Fels-2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage HK022</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage HK97</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage JSE</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage K1E</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage LKA1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage Min27</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage N15</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage N4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage P1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage P2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage PsP3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage SP6</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage T3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage T5</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage T7</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage lambda</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage phiEcoM-GJ1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage phiP27</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterobacteria phage vB_EcoM-VR7</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Enterococcus faecalis</i>	0.01	0.04	0.06	0.01	0.02
<i>Enterococcus faecium</i>	0.00	0.02	0.03	0.01	0.02
<i>Enterococcus gallinarum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterococcus italicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterococcus phage phiFL2A</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterococcus phage phiFL3A</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Enterocytozoon bienensei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ephedra equisetina</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Epulopiscium sp. 'N.t. morphotype B'</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Equisetum arvense</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Equus caballus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eremococcus coleocola</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Eremothecium gossypii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erodium texanum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erwinia amylovora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erwinia billingiae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erwinia pyrifoliae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erwinia sp. Ejp 556</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erwinia tasmaniensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Erysipelotrichaceae bacterium 3_1_53</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Erysipelotrichaceae bacterium 5_2_54FAA</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Erythrobacter litoralis</i>	0.09	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Erythrobacter sp. NAPI</i>	0.05	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Erythrobacter sp. SD-21</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Escherichia albertii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Escherichia coli</i>	0.10	0.02	0.03	0.04	0.07
<i>Escherichia fergusonii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Escherichia phage phiV10</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Escherichia phage rv5</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Escherichia sp. 1_1_43</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Escherichia sp. 3_2_53FAA</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Escherichia sp. 4_1_40B</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ethanoligenens harbinense</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Eubacterium bifforme</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Eubacterium cellulosolvens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Eubacterium dolichum</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Eubacterium eligens</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Eubacterium hallii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Eubacterium limosum</i>	0.01	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Eubacterium rectale</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Eubacterium saburreum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Eubacterium saphenum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Eubacterium siraeum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Eubacterium ventriosum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Eubacterium yurii</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Euglena gracilis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Euglena longa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Exiguobacterium sibiricum</i>	0.01	0.07	0.09	0.01	0.02
<i>Exiguobacterium sp. AT1b</i>	0.01	0.03	0.04	0.01	0.02
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Ferrimonas balearica</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ferroglobus placidus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ferroplasma acidarmanus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fervidobacterium nodosum</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Fibrobacter succinogenes</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Filifactor alocis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Finegoldia magna</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Flavobacteria bacterium BAL38</i>	0.01	0.00	0.01	0.02	0.04
<i>Flavobacteria bacterium BBFL7</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Flavobacteria bacterium MS024-2A</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Flavobacteria bacterium MS024-3C</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Flavobacteriaceae bacterium 3519-10</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.06
<i>Flavobacteriales bacterium ALC-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Flavobacterium johnsoniae</i>	0.04	0.00	0.06	0.15	0.28
<i>Flavobacterium phage 11b</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Flavobacterium psychrophilum</i>	0.02	0.00	0.02	0.05	0.13
<i>Floydiella terrestris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fluoribacter dumoffii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Francisella novicida</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Francisella philomiragia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Francisella tularensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Frankia alni</i>	0.02	0.12	0.12	0.13	0.09
<i>Frankia sp. CcI3</i>	0.03	0.18	0.16	0.17	0.11
<i>Frankia sp. EAN1pec</i>	0.02	0.08	0.07	0.08	0.07
<i>Frankia sp. EUN1f</i>	0.01	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Frankia sp. Eu11c</i>	0.02	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Frankia symbiont of Datisca glomerata</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Fucus vesiculosus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fulvimarina pelagi</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium gonidiaformans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Fusobacterium mortiferum</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	0.02	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. 1_1_41FAA</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. 2_1_31</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. 3_1_27</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. 3_1_33</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. 3_1_36A2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. 3_1_5R</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Fusobacterium sp. 4_1_13</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. 7_1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. D11</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium sp. D12</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Fusobacterium ulcerans</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Fusobacterium varium</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Gallionella capsiferriformans</i>	0.95	0.00	0.01	0.03	0.03
<i>Gallus gallus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gardnerella vaginalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gemella haemolysans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gemmata obscuriglobus</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Gemmatimonas aurantiaca</i>	0.11	0.00	0.01	0.03	0.16
<i>Geobacillus kaustophilus</i>	0.03	0.34	0.48	0.04	0.04
<i>Geobacillus phage GBSV1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Geobacillus sp. C56-T3</i>	0.00	0.03	0.04	0.00	0.01
<i>Geobacillus sp. G11MC16</i>	0.02	0.22	0.32	0.03	0.02
<i>Geobacillus sp. WCH70</i>	0.01	0.23	0.34	0.02	0.01
<i>Geobacillus sp. Y4.1MC1</i>	0.01	0.12	0.17	0.01	0.01
<i>Geobacillus sp. Y412MC52</i>	0.01	0.11	0.15	0.01	0.01
<i>Geobacillus sp. Y412MC61</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Geobacillus stearothermophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Geobacillus thermodenitrificans</i>	0.02	0.20	0.30	0.03	0.02
<i>Geobacillus thermoglucosidasius</i>	0.01	0.12	0.17	0.01	0.01
<i>Geobacillus virus E2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Geobacter bemidjiensis</i>	0.12	0.00	0.00	0.64	1.34
<i>Geobacter lovleyi</i>	0.11	0.00	0.00	0.42	1.11
<i>Geobacter metallireducens</i>	0.25	0.00	0.01	0.85	2.43

<i>Geobacter sp. FRC-32</i>	0.12	0.00	0.00	0.48	1.60
<i>Geobacter sp. M18</i>	0.10	0.00	0.00	0.55	1.17
<i>Geobacter sp. M21</i>	0.05	0.00	0.00	0.25	0.54
<i>Geobacter sulfurreducens</i>	0.20	0.00	0.01	0.80	2.56
<i>Geobacter uraniireducens</i>	0.56	0.01	0.01	1.79	11.88
<i>Geodermatophilus obscurus</i>	0.02	0.05	0.05	0.05	0.04
<i>Giardia intestinalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gibberella zeae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Glaciecola sp. HTCC2999</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gloeobacter violaceus</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Gluconacetobacter diazotrophicus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Gluconacetobacter hansenii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gluconacetobacter xylinus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gluconobacter oxydans</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Glycine max</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gnetum parvifolium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gordonia bronchialis</i>	0.01	0.25	0.21	0.21	0.12
<i>Gordonia westfalica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gracilaria tenuistipitata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gramella forsetii</i>	0.03	0.00	0.01	0.07	0.18
<i>Granulibacter bethesdensis</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Granulicatella adiacens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Granulicatella elegans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Grimontia hollisae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Guillardia theta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haemophilus ducreyi</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haemophilus influenzae</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Haemophilus parasuis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Haemophilus phage Aaphi23</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haemophilus phage HP1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haemophilus phage HP2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hahella chejuensis</i>	0.13	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Halalkalicoccus jeotgali</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halanaerobium sp. 'sapolanicus'</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Haliangium ochraceum</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Haloarcula marismortui</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Halobacterium salinarum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haloferax volcanii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halogeometricum borinquense</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halomicrobium mukohataei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halomonas elongata</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Halomonas phage phiHAP-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haloquadratum walsbyi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halorhabdus utahensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Halorhodospira halophila</i>	0.10	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Halorubrum lacusprofundi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Haloterrigena turkmenica</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Halothermothrix orenii</i>	0.04	0.00	0.01	0.02	0.09
<i>Halothiobacillus neapolitanus</i>	0.11	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Helicobacter acinonychis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicobacter bilis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicobacter canadensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicobacter cinaedi</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicobacter felis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicobacter hepaticus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Helicobacter mustelae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicobacter pullorum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicobacter pylori</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Helicobacter winghamensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Helicosporidium sp. ex Simulium jonesi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Heliobacterium modesticaldum</i>	0.05	0.01	0.01	0.02	0.07
<i>Heliothis zea virus 1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Herbaspirillum seropedicae</i>	0.51	0.00	0.03	0.09	0.04
<i>Herminiimonas arsenicoxydans</i>	0.80	0.01	0.04	0.09	0.05
<i>Herpetosiphon aurantiacus</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Heterosigma akashiwo</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hirschia baltica</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Histophilus somni</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hoeflea phototrophica</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Holdemania filiformis</i>	0.01	0.00	0.01	0.05	0.09
<i>Homo sapiens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Huperzia lucidula</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Hydra magnipapillata</i>	0.25	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Hydrogenivirga sp. 128-5-R1-1</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hydrogenobacter thermophilus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hydrogenobaculum sp. Y04AAS1</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hyperthermus butylicus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hyphomicrobium denitrificans</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Hyphomonas neptunium</i>	0.04	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Idiomarina baltica</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Idiomarina loihiensis</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Ignicoccus hospitalis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ignisphaera aggregans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ilyobacter polytropus</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>IncN plasmid R46</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>IncP-1 plasmid pKJK5</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Intrasporangium calvum</i>	0.01	0.01	0.00	0.01	0.03
<i>Invertebrate iridescent virus 3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Invertebrate iridescent virus 6</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Iodobacteriophage phiPLPE</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ixodes scapularis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Janibacter sp. HTCC2649</i>	0.01	0.04	0.04	0.04	0.04
<i>Jannaschia sp. CCS1</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Janthinobacterium sp. Marseille</i>	1.05	0.01	0.06	0.12	0.06
<i>Jasminum nudiflorum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Jonesia denitrificans</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Jonquetella anthropi</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Kangiella koreensis</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ketogulonicigenium vulgare</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Kineococcus radiotolerans</i>	0.02	0.04	0.04	0.04	0.05
<i>Kingella oralis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Klebsiella phage K11</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Klebsiella phage KP32</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Klebsiella phage phiKO2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.04	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Klebsiella sp. 1_1_55</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Klebsiella sp. KCL-2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Klebsiella variicola</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Kluyveromyces lactis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Kocuria rhizophila</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Kordia algicida</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Kosmotoga olearia</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Kribbella flavida</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.04
<i>Kryptoperidinium foliaceum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ktedonobacter racemifer</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Kytococcus sedentarius</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Labrenzia aggregata</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Labrenzia alexandrii</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Laccaria bicolor</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lachancea thermotolerans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Lactobacillus amylolyticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus amylovorus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus antri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus brevis</i>	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Lactobacillus buchneri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus casei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Lactobacillus coleohominis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus crispatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Lactobacillus fermentum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Lactobacillus gasseri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus helveticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus hilgardii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus iners</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus jensenii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus johnsonii prophage Lj771</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus oris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus paracasei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus phage A2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus phage Lb338-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus phage Lrm1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus plantarum</i>	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01

<i>Lactobacillus reuteri</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus ruminis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus sakei</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Lactobacillus salivarius</i>	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Lactobacillus ultunensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus vaginalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactococcus lactis</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Lactococcus phage Tuc2009</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactococcus phage bIL285</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactococcus phage ul36</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Laribacter hongkongensis</i>	0.25	0.00	0.07	0.09	0.03
<i>Lawsonia intracellularis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Leadbetterella byssophila</i>	0.02	0.00	0.00	0.05	0.10
<i>Leeuwenhoekiella blandensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.04	0.08
<i>Legionella drancourtii</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Legionella longbeachae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Legionella pneumophila</i>	0.08	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Leifsonia xyli</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.03
<i>Leishmania braziliensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leishmania infantum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leishmania major</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lemna minor</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lentisphaera araneosa</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Leptospira biflexa</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Leptospira borgpetersenii</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Leptospira interrogans</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.05
<i>Leptospirillum ferrooxidans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leptothrix cholodnii</i>	1.13	0.01	0.09	0.11	0.08
<i>Leptotrichia buccalis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Leptotrichia goodfellowii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Leptotrichia hofstadii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leuconostoc citreum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leuconostoc gasicomitatum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leuconostoc kimchii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Limnobacter sp. MED105</i>	0.17	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Listeria grayi</i>	0.00	0.01	0.02	0.00	0.01
<i>Listeria innocua</i>	0.01	0.03	0.04	0.01	0.01
<i>Listeria ivanovii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Listeria marthii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Listeria monocytogenes</i>	0.01	0.09	0.12	0.02	0.03
<i>Listeria phage A118</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Listeria phage B025</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Listeria seeligeri</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00
<i>Listeria welshimeri</i>	0.00	0.03	0.04	0.01	0.01
<i>Listonella anguillarum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Listonella phage phiHSIC</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Loa loa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lodderomyces elongisporus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Loktanella vestfoldensis</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Loligo bleekeri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lutiella nitroferrum</i>	0.35	0.00	0.33	0.38	0.03
<i>Lyngbya sp. PCC 8106</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Lysinibacillus fusiformis</i>	0.00	0.12	0.16	0.01	0.01
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	0.01	0.35	0.51	0.03	0.02
<i>Macaca mulatta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Macrococcus caseolyticus</i>	0.00	0.02	0.03	0.01	0.01
<i>Magnaporthe oryzae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Magnetococcus sp. MC-1</i>	0.14	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Magnetospirillum gryphiswaldense</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Magnetospirillum magneticum</i>	0.28	0.00	0.01	0.03	0.06
<i>Magnetospirillum magnetotacticum</i>	0.15	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Malassezia globosa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mannheimia haemolytica</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Mannheimia succiniciproducens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Marchantia polymorpha</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Maribacter sp. HTCC2170</i>	0.02	0.00	0.00	0.06	0.12
<i>Maricaulis maris</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Marinobacter algicola</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Marinobacter hydrocarbonoclasticus</i>	0.12	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Marinobacter sp. ELB17</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Marinomonas sp. MED121</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Marinomonas sp. MWYL1</i>	0.08	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Mariprofundus ferrooxydans</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Maritimibacter alkaliphilus</i>	0.05	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Marivirga tractuosa</i>	0.02	0.00	0.01	0.04	0.12
<i>Marvinbryantia formatexigens</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Megasphaera genomsp. type_1</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Megasphaera micronuciformis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Meiothermus ruber</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Meiothermus silvanus</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Mesoplasma florum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mesorhizobium loti</i>	0.11	0.01	0.02	0.03	0.03
<i>Mesorhizobium opportunistum</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Mesostigma viride</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Metallosphaera sedula</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanobrevibacter ruminantium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanocaldococcus fervens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanocaldococcus infernus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanocaldococcus jannaschii</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanocaldococcus sp. FS406-22</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanocaldococcus vulcanius</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanocella paludicola</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanococcoides burtonii</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Methanococcus aeolicus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanococcus maripaludis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Methanococcus vannielii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanococcus voltae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanocorpusculum labreanum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanoculleus marisnigri</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Methanohalobium evestigatum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanohalophilus mahii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanoplanus petrolearius</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanopyrus kandleri</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanoregula boonei</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Methanosaeta thermophila</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Methanosarcina acetivorans</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Methanosarcina barkeri</i>	0.04	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Methanosarcina mazei</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Methanosphaera stadtmanae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanosphaerula palustris</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Methanospirillum hungatei</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Methanothermobacter marburgensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanothermobacter thermautotrophicus</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methanothermococcus okinawensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methanothermus fervidus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methylacidiphilum infernorum</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Methylibium petroleiphilum</i>	1.19	0.04	0.11	0.13	0.09
<i>Methylobacillus flagellatus</i>	1.09	0.01	0.04	0.04	0.04
<i>Methylobacter tundripaludum</i>	0.23	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Methylobacterium chloromethanicum</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methylobacterium extorquens</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Methylobacterium nodulans</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Methylobacterium populi</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methylobacterium radiotolerans</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Methylobacterium sp. 4-46</i>	0.07	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Methylocella silvestris</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Methylococcus capsulatus</i>	0.29	0.00	0.01	0.03	0.05
<i>Methylophaga thalassica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methylophaga thiooxydans</i>	0.06	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Methylophilales bacterium HTCC2181</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methylosinus trichosporium</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Methylothena mobilis</i>	0.75	0.00	0.03	0.02	0.01
<i>Methylothena sp. 301</i>	0.62	0.00	0.02	0.02	0.02
<i>Methylovorus sp. MP688</i>	0.09	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Methylovorus sp. SIP3-4</i>	0.52	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Meyerozyma guilliermondii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Microbacterium phage Min1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Micrococcus luteus</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Micrococcus sp. 28</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Microcoleus chthonoplastes</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02

<i>Microcystis aeruginosa</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Microcystis aeruginosa</i> phage Ma-LMM01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Micromonas pusilla</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Micromonas</i> sp. RCC1109 virus MpV1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Micromonas</i> sp. RCC299	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Micromonospora aurantiaca</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Micromonospora</i> sp. ATCC 39149	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Micromonospora</i> sp. L5	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Microscilla marina</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.10
<i>Microscilla</i> sp. PRE1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mitsuokella multacida</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Mobiluncus curtisii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Mobiluncus mulieris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Moniliophthora perniciosa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Monodelphis domestica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Monomastix</i> sp. OKE-1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Monosiga brevicollis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Moorella thermoacetica</i>	0.10	0.01	0.02	0.02	0.09
<i>Moraxella catarrhalis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Morganella</i> phage MmP1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Moritella</i> sp. PE36	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Morus indica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mucilaginibacter paludis</i>	0.02	0.00	0.00	0.06	0.12
<i>Mus musculus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Mycobacterium abscessus</i>	0.01	0.07	0.06	0.05	0.03
<i>Mycobacterium avium</i>	0.02	0.37	0.33	0.32	0.18
<i>Mycobacterium bovis</i>	0.00	0.05	0.04	0.05	0.02
<i>Mycobacterium celatum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium gilvum</i>	0.02	0.16	0.14	0.14	0.09
<i>Mycobacterium intracellulare</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Mycobacterium kansasii</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Mycobacterium leprae</i>	0.01	0.12	0.10	0.10	0.06
<i>Mycobacterium liflandii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium marinum</i>	0.01	0.11	0.09	0.09	0.05
<i>Mycobacterium parascrofulaceum</i>	0.01	0.04	0.03	0.03	0.02

<i>Mycobacterium phage Angelica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Barnyard</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Brujita</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Bxz1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Bxz2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Cali</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Chah</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Che12</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Che9c</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Che9d</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Cjw1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage D29</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage DD5</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Gumball</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Jasper</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage KBG</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Kostya</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage L5</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage LeBron</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Llij</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Myrna</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Omega</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage PMC</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Pacc40</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Peaches</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Porky</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Pukovnik</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Ramsey</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Rosebush</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Solon</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage Tweety</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium phage U2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium smegmatis</i>	0.03	0.42	0.37	0.36	0.21
<i>Mycobacterium sp. JLS</i>	0.01	0.26	0.23	0.24	0.13
<i>Mycobacterium sp. KMS</i>	0.02	0.31	0.29	0.29	0.15
<i>Mycobacterium sp. MCS</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Mycobacterium sp. Spyr1</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	0.02	0.63	0.54	0.53	0.31
<i>Mycobacterium ulcerans</i>	0.01	0.06	0.06	0.05	0.04
<i>Mycobacterium vanbaalenii</i>	0.03	0.47	0.43	0.43	0.24
<i>Mycoplasma agalactiae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma alligatoris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma arthritidis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma bovis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma capricolum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma conjunctivae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma crocodyli</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma fermentans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma gallisepticum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma genitalium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma hominis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma hyorhinis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma leachii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma mobile</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma mycoides</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma penetrans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma pulmonis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycoplasma synoviae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycosphaerella graminicola</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Myxococcus phage Mx8</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Myxococcus xanthus</i>	0.12	0.01	0.02	0.05	0.15
<i>Naegleria gruberi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nakamurella multipartita</i>	0.02	0.05	0.04	0.04	0.04
<i>Nanoarchaeum equitans</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nasonia vitripennis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Natronaerobius thermophilus</i>	0.02	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Natrialba magadii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Natrialba phage PhiCh1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Natronomonas pharaonis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nautilia profundicola</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Nectria haematococca</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseria cinerea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseria elongata</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseria flavescens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Neisseria lactamica</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Neisseria meningitidis</i>	0.12	0.00	0.02	0.03	0.02
<i>Neisseria mucosa</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseria polysaccharea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseria sicca</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseria sp. oral taxon 014</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neisseria subflava</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nematostella vectensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Neorickettsia risticii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neorickettsia sennetsu</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neosartorya fischeri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neosartorya fumigata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nephroselmis olivacea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Neptuniibacter caesariensis</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Neurospora crassa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nicotiana tabacum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nitratiruptor sp. SB155-2</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Nitrobacter hamburgensis</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Nitrobacter sp. Nb-311A</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Nitrobacter winogradskyi</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Nitrococcus mobilis</i>	0.09	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Nitrosococcus halophilus</i>	0.12	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Nitrosococcus oceani</i>	0.20	0.01	0.01	0.02	0.05
<i>Nitrosococcus watsoni</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nitrosomonas europaea</i>	0.40	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Nitrosomonas eutropha</i>	0.44	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Nitrosomonas sp. AL212</i>	0.33	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Nitrosopumilus maritimus</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.05
<i>Nitrospira multififormis</i>	0.93	0.01	0.02	0.04	0.05
<i>Nocardia farcinica</i>	0.03	1.31	1.12	1.12	0.61
<i>Nocardioides sp. JS614</i>	0.07	0.18	0.17	0.19	0.16

<i>Nocardiopsis dassonvillei</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02
<i>Nodularia spumigena</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nosema ceranae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nostoc punctiforme</i>	0.05	0.01	0.01	0.01	0.03
<i>Nostoc sp. PCC 7120</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Novosphingobium aromaticivorans</i>	0.38	0.05	0.15	0.06	0.05
<i>Nuphar advena</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oceanibulbus indolifex</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oceanicaulis sp. HTCC2633</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oceanicola batsensis</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Oceanicola granulosus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oceanithermus profundus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oceanobacillus iheyensis</i>	0.02	0.19	0.27	0.03	0.03
<i>Ochrobactrum anthropi</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Ochrobactrum intermedium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ochromonas danica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Octadecabacter antarcticus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Odontella sinensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oedogonium cardiacum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oenococcus oeni</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oenothera glazioviana</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oligotropha carboxidovorans</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Olsenella uli</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oltmannsiellopsis viridis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Onion yellows phytoplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Opitutaceae bacterium TAV2</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Opitutus terrae</i>	0.13	0.00	0.00	0.04	0.11
<i>Oribacterium sinus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oribacterium sp. oral taxon 078</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Orientia tsutsugamushi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ornithobacterium rhinotracheale</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ornithorhynchus anatinus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oryctes rhinoceros virus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oryctolagus cuniculus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oryza sativa</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Oscillatoria sp. PCC 6506</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02

<i>Oscillochloris trichoides</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Ostreococcus 'lucimarinus'</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ostreococcus lucimarinus virus OIVI</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ostreococcus tauri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ostreococcus tauri virus 2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ostreococcus virus OsV5</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oxalobacter formigenes</i>	0.17	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Paenibacillus curdlanolyticus</i>	0.01	0.03	0.04	0.02	0.02
<i>Paenibacillus larvae</i>	0.01	0.06	0.08	0.02	0.02
<i>Paenibacillus polymyxa</i>	0.02	0.14	0.20	0.07	0.05
<i>Paenibacillus sp. JDR-2</i>	0.02	0.09	0.13	0.05	0.05
<i>Paenibacillus sp. Y412MC10</i>	0.02	0.51	0.78	0.17	0.05
<i>Paenibacillus sp. oral taxon 786</i>	0.01	0.12	0.17	0.05	0.03
<i>Paenibacillus vortex</i>	0.00	0.12	0.19	0.03	0.01
<i>Paludibacter propionicigenes</i>	0.02	0.00	0.00	0.34	0.49
<i>Pan troglodytes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pantoea ananatis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pantoea sp. At-9b</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Pantoea sp. aB</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pantoea vagans</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Parabacteroides distasonis</i>	0.02	0.00	0.00	0.09	0.21
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	0.01	0.00	0.00	0.05	0.11
<i>Parabacteroides merdae</i>	0.00	0.00	0.00	0.04	0.09
<i>Parabacteroides sp. D13</i>	0.01	0.00	0.00	0.05	0.11
<i>Parachlamydia acanthamoebae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Paracoccidioides brasiliensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paracoccus aminophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paracoccus denitrificans</i>	0.11	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Paracoccus methylytens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paramecium aurelia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paramecium bursaria Chlorella virus 1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paramecium bursaria Chlorella virus</i> <i>A1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paramecium bursaria Chlorella virus</i> <i>AR158</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paramecium tetraurelia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Parascardovia denticolens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Parvibaculum lavamentivorans</i>	0.09	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Parvimonas micra</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Parvularcula bermudensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pasteurella dagmatis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pasteurella multocida</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Patiria pectinifera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Paulinella chromatophora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pectobacterium atrosepticum</i>	0.04	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Pectobacterium carotovorum</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Pectobacterium wasabiae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pediculus humanus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pediococcus acidilactici</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Pedobacter heparinus</i>	0.05	0.00	0.01	0.10	0.24
<i>Pedobacter saltans</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.09
<i>Pedobacter sp. BAL39</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.09
<i>Pelagibaca bermudensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pelobacter carbinolicus</i>	0.14	0.00	0.01	0.09	0.32
<i>Pelobacter propionicus</i>	0.16	0.00	0.01	0.62	1.42
<i>Pelodictyon luteolum</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Pelodictyon phaeoclathratiforme</i>	0.05	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Pelotomaculum thermopropionicum</i>	0.09	0.01	0.01	0.03	0.10
<i>Penicillium chrysogenum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Penicillium marneffeii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Peptoniphilus duerdenii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Peptoniphilus harei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Peptoniphilus lacrimalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Peptoniphilus sp. oral taxon 386</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Peptoniphilus sp. oral taxon 836</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Peptostreptococcus stomatis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Perkinsus marinus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Persephonella marina</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Petrogona mobilis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Phaeobacter gallaeciensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Phaeodactylum tricornutum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phaeosphaeria nodorum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phage phiJL001</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phenylobacterium zucineum</i>	0.09	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Photobacterium angustum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Photobacterium damsela</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Photobacterium profundum</i>	0.05	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Photobacterium sp. SKA34</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Photorhabdus asymbiotica</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Photorhabdus luminescens</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Physcomitrella patens</i>	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Phytophthora infestans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Phytophthora ramorum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pichia canadensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pichia pastoris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Picrophilus torridus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pinus koraiensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pirellula staleyi</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Planctomyces brasiliensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Planctomyces limnophilus</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Planctomyces maris</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Plasmid QKH54</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmid pIP404</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmid pIPO2T</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmid pLBI</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmid pSB102</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmodium berghei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmodium chabaudi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmodium falciparum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmodium knowlesi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmodium vivax</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plasmodium yoelii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plesiocystis pacifica</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Pleurozia purpurea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Plutella xylostella multiple nucleopolyhedrovirus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Podospora anserina</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Polaribacter irgensii</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Polaribacter sp. MED152</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Polaromonas naphthalenivorans</i>	1.99	0.01	0.17	0.17	0.13
<i>Polaromonas sp. JS666</i>	4.08	0.02	0.32	0.26	0.23
<i>Polynucleobacter necessarius</i>	0.37	0.00	0.02	0.03	0.04
<i>Polytomella sp. SAG 63-10</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pongo abelii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Populus alba</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Populus trichocarpa</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Porphyra purpurea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Porphyra yezoensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Porphyromonas endodontalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	0.02	0.00	0.00	0.09	0.24
<i>Porphyromonas uenonis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Postia placenta</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Prevotella amnii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Prevotella bergensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Prevotella bivia</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Prevotella bryantii</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Prevotella buccae</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Prevotella buccalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Prevotella copri</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Prevotella disiens</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Prevotella marshii</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Prevotella melaninogenica</i>	0.01	0.00	0.00	0.03	0.07
<i>Prevotella oralis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Prevotella oris</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Prevotella ruminicola</i>	0.01	0.00	0.00	0.04	0.08
<i>Prevotella sp. oral taxon 299</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Prevotella sp. oral taxon 317</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Prevotella sp. oral taxon 472</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Prevotella tanneriae</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Prevotella timonensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Prevotella veroralis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01

<i>Prochlorococcus marinus</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Prochlorococcus phage P-SSM2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Prochlorococcus phage P-SSM4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Propionibacterium acnes</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Propionibacterium phage B5</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Prosthecochloris aestuarii</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Proteus mirabilis</i>	0.02	0.01	0.02	0.01	0.01
<i>Proteus penneri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Proteus vulgaris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Prototheca wickerhamii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Providencia alcalifaciens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Providencia rettgeri</i>	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Providencia rustigianii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Providencia stuartii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudendoclonium akinetum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudoalteromonas atlantica</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Pseudoalteromonas haloplanktis</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Pseudoalteromonas sp. SM9913</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pseudoalteromonas tunicata</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	0.35	0.03	0.07	0.08	0.09
<i>Pseudomonas alcaligenes</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas amygdali</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Pseudomonas coronafaciens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas entomophila</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	0.28	0.02	0.07	0.06	0.07
<i>Pseudomonas mendocina</i>	0.15	0.00	0.02	0.03	0.02
<i>Pseudomonas phage 201phi2-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage 73</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage B3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage D3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage D3112</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage DMS3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage F10</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage F116</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage LIT1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Pseudomonas phage LUZ24</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage LUZ7</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage M6</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage MP22</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage MP29</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage MP38</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage PA11</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage PAJU2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage PT2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage PaP3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage Pfl</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage YuA</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage gh-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas phage phiCTX</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas putida</i>	0.21	0.05	0.08	0.09	0.08
<i>Pseudomonas savastanoi</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Pseudomonas sp. ADP</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas sp. CA10</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas sp. CT14</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas sp. ND6</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas sp. UK4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudomonas stutzeri</i>	0.18	0.01	0.02	0.03	0.04
<i>Pseudomonas syringae</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Pseudomonas syringae group genomosp. 3</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Pseudoramibacter alactolyticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pseudovibrio sp. JE062</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Psilotum nudum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Psychrobacter arcticus</i>	0.03	0.02	0.02	0.03	0.02
<i>Psychrobacter cryohalolentis</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Psychrobacter sp. PRwf-1</i>	0.02	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Psychroflexus torquis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Psychromonas ingrahamii</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Psychromonas sp. CNPT3</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pycnococcus provasolii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pylaiella littoralis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Pyramidobacter piscolens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pyramimonas parkeae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrobaculum aerophilum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrobaculum arsenaticum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrobaculum calidifontis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrobaculum islandicum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pyrococcus abyssi</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pyrococcus furiosus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Pyrococcus horikoshii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ralstonia phage RSB1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ralstonia phage RSL1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ralstonia phage RSS1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ralstonia phage phiRSA1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ralstonia pickettii</i>	0.38	0.00	0.03	0.04	0.04
<i>Ralstonia solanacearum</i>	0.80	0.01	0.06	0.09	0.07
<i>Ralstonia sp. 5_7_47FAA</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ranunculus macranthus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Raphidiopsis brookii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rattus norvegicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Reclinomonas americana</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Reinekea blandensis</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Renibacterium salmoninarum</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Rhizobium etli</i>	0.08	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Rhizobium leguminosarum</i>	0.10	0.03	0.03	0.04	0.05
<i>Rhizobium phage 16-3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhodobacter capsulatus</i>	0.08	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Rhodobacter sp. SW2</i>	0.17	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Rhodobacter sphaeroides</i>	0.36	0.01	0.02	0.02	0.04
<i>Rhodobacteraceae bacterium HTCC2083</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhodobacteraceae bacterium HTCC2150</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhodobacteraceae bacterium KLH11</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhodobacterales bacterium HTCC2255</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Rhodobacterales bacterium Y4I</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Rhodococcus equi</i>	0.01	0.69	0.58	0.55	0.31
<i>Rhodococcus erythropolis</i>	0.02	1.43	1.21	1.19	0.66
<i>Rhodococcus jostii</i>	0.06	70.15	60.38	59.25	32.08
<i>Rhodococcus opacus</i>	0.01	4.30	3.58	3.41	1.88
<i>Rhodococcus sp. NSI</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Rhodomicrobium vanniellii</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Rhodomonas salina</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhodopirellula baltica</i>	0.06	0.00	0.01	0.02	0.06
<i>Rhodopseudomonas palustris</i>	0.54	0.03	0.05	0.08	0.14
<i>Rhodospirillum centenum</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Rhodospirillum rubrum</i>	0.08	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Rhodothermus marinus</i>	0.07	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Ricinus communis</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Rickettsia africae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia akari</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia bellii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Rickettsia canadensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia conorii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia endosymbiont of Ixodes scapularis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia felis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia massiliae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia peacockii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia prowazekii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia rickettsii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia sibirica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsia typhi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rickettsiella grylli</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ricordea florida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Riemerella anatipestifer</i>	0.01	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Robiginitalea biformata</i>	0.02	0.00	0.00	0.04	0.09
<i>Roseburia intestinalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Roseburia inulinivorans</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Roseibium sp. TrichSKD4</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Roseiflexus castenholzii</i>	0.11	0.01	0.01	0.02	0.06
<i>Roseiflexus sp. RS-1</i>	0.13	0.01	0.02	0.03	0.08

<i>Roseobacter denitrificans</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Roseobacter litoralis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Roseobacter phage SIO1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Roseobacter sp. AzwK-3b</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Roseobacter sp. CCS2</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Roseobacter sp. GAI101</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Roseobacter sp. MED193</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Roseobacter sp. SK209-2-6</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Roseomonas cervicalis</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Roseovarius nubinhibens</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Roseovarius sp. 217</i>	0.06	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Roseovarius sp. TM1035</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rothia dentocariosa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Rothia mucilaginoso</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Rubroacter xylanophilus</i>	0.08	0.03	0.03	0.04	0.05
<i>Ruegeria lacuscaerulensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ruegeria pomeroyi</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Ruegeria sp. PR1b</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ruegeria sp. R11</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ruegeria sp. TM1040</i>	0.06	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ruminococcaceae bacterium D16</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Ruminococcus albus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Ruminococcus flavefaciens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ruminococcus gnavus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ruminococcus lactaris</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ruminococcus obeum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ruminococcus sp. 5_1_39BFAA</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Ruminococcus torques</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Saccharomonospora viridis</i>	0.01	0.07	0.06	0.06	0.05
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Saccharophagus degradans</i>	0.07	0.00	0.00	0.02	0.03
<i>Saccharopolyspora erythraea</i>	0.04	0.24	0.22	0.22	0.15
<i>Saccoglossus kowalevskii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sagittula stellata</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Salinibacter ruber</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Salinispora arenicola</i>	0.01	0.03	0.02	0.03	0.03

<i>Salinispora tropica</i>	0.03	0.06	0.06	0.07	0.07
<i>Salmonella enterica</i>	0.07	0.01	0.01	0.02	0.03
<i>Salmonella phage Fels-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Salmonella phage SS3e</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Salmonella phage ST64T</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Salmonella phage Vi II-E1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Salmonella phage epsilon15</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Salmonella phage epsilon34</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sanguibacter keddieii</i>	0.01	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Saprolegnia ferax</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Scardovia inopinata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Scenedesmus obliquus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Scheffersomyces stipitis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schistosoma mansoni</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schizophyllum commune</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schizosaccharomyces japonicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Schizosaccharomyces pombe</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sebaldella termitidis</i>	0.01	0.01	0.02	0.02	0.04
<i>Segniliparus rotundus</i>	0.00	0.02	0.02	0.02	0.01
<i>Selaginella moellendorffii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Selenomonas flueggei</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Selenomonas noxia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Selenomonas sp. oral taxon 137</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Selenomonas sp. oral taxon 149</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Selenomonas sputigena</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Serratia entomophila</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Serratia marcescens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Serratia odorifera</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Serratia proteamaculans</i>	0.04	0.01	0.01	0.02	0.02
<i>Shewanella amazonensis</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Shewanella baltica</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Shewanella benthica</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shewanella denitrificans</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Shewanella frigidimarina</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Shewanella halifaxensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Shewanella loihica</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Shewanella oneidensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Shewanella pealeana</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Shewanella piezotolerans</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Shewanella putrefaciens</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Shewanella sediminis</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Shewanella sp. ANA-3</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Shewanella sp. MR-4</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Shewanella sp. MR-7</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Shewanella sp. W3-18-1</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Shewanella violacea</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shewanella woodyi</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Shigella boydii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shigella dysenteriae</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shigella flexneri</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Shigella phage Sf6</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shigella phage phiSboM-AG3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shigella sonnei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shigella sp. D9</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Shuttleworthia satelles</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sideroxydans lithotrophicus</i>	1.36	0.00	0.02	0.04	0.05
<i>Silicibacter phage DSS3phi2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Silicibacter sp. TrichCH4B</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Simonsiella muelleri</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sinorhizobium fredii</i>	0.04	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Sinorhizobium medicae</i>	0.04	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Sinorhizobium meliloti</i>	0.08	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Sinorhizobium phage PBC5</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Slackia exigua</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Slackia heliotrinireducens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.03
<i>Sodalis glossinidius</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sorangium cellulosum</i>	0.07	0.01	0.01	0.03	0.08
<i>Sorghum bicolor</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sphaerobacter thermophilus</i>	0.10	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	0.02	0.00	0.00	0.05	0.12
<i>Sphingobium chlorophenolicum</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Sphingobium japonicum</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Sphingomonas sp. A1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sphingomonas sp. KA1</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sphingomonas sp. SKA58</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sphingomonas wittichii</i>	0.11	0.02	0.03	0.03	0.03
<i>Sphingopyxis alaskensis</i>	0.10	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Sphingopyxis macrogoltabida</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Spirochaeta smaragdinae</i>	0.02	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>Spirochaeta thermophila</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.04
<i>Spirosoma linguale</i>	0.04	0.00	0.01	0.10	0.21
<i>Spizellomyces punctatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sporosarcina ureae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Stackebrandtia nassauensis</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.03
<i>Staphylococcus aureus</i>	0.01	0.03	0.05	0.01	0.02
<i>Staphylococcus capitis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus caprae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus carnosus</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	0.01	0.02	0.03	0.01	0.01
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	0.01	0.02	0.02	0.01	0.01
<i>Staphylococcus hominis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00
<i>Staphylococcus phage 2638A</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus phage 53 sensu lato</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus phage EW</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus phage K</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus phage PVL</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus phage Twort</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	0.00	0.02	0.02	0.01	0.01
<i>Staphylococcus sciuri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus sp. 693-2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylococcus warneri</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylothermus hellenicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Staphylothermus marinus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Starkeya novella</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Staurastrum punctulatum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	0.08	0.00	0.01	0.02	0.02

<i>Stenotrophomonas phage S1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Stenotrophomonas sp. SKA14</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Stigeoclonium helveticum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Stigmatella aurantiaca</i>	0.07	0.00	0.00	0.03	0.09
<i>Streptobacillus moniliformis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptococcus agalactiae</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Streptococcus anginosus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus downei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus equi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptococcus equinus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus gordonii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptococcus infantarius</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus infantis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus mitis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus mutans</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Streptococcus oralis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus parasanguinis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus phage 5093</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus phage 7201</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus phage 858</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus phage EJ-1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus phage SM1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus phage Sfi19</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus phage phi3396</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Streptococcus pseudoporcinus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus pyogenes</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Streptococcus salivarius</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus sanguinis</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Streptococcus sp. 2_1_36FAA</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus sp. M143</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus sp. oral taxon 071</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus suis</i>	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Streptococcus uberis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus vestibularis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptomyces albus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Streptomyces avermitilis</i>	0.03	0.14	0.12	0.13	0.11
<i>Streptomyces clavuligerus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces coelicolor</i>	0.02	0.06	0.05	0.05	0.05
<i>Streptomyces filamentosus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces flavogriseus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces ghanaensis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Streptomyces griseoflavus</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Streptomyces griseus</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Streptomyces hygroscopicus</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Streptomyces lividans</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.05
<i>Streptomyces phage VWB</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptomyces pristinaespiralis</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces rochei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptomyces scabiei</i>	0.01	0.05	0.04	0.05	0.04
<i>Streptomyces sp. AA4</i>	0.01	0.01	0.02	0.02	0.02
<i>Streptomyces sp. ACT-1</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Streptomyces sp. ACTE</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces sp. C</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Streptomyces sp. HK1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptomyces sp. Mg1</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces sp. SPB74</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces sp. SPB78</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces sp. W9</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptomyces sp. e14</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Streptomyces sviveus</i>	0.01	0.01	0.00	0.01	0.01
<i>Streptomyces violaceoruber</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptomyces violaceusniger</i>	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
<i>Streptomyces viridochromogenes</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Streptosporangium roseum</i>	0.02	0.03	0.03	0.03	0.05
<i>Strongylocentrotus purpuratus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Subdoligranulum variabile</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sulfitobacter phage EE36phi1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfitobacter sp. EE-36</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Sulfitobacter sp. NAS-14.1</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfolobus acidocaldarius</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfolobus islandicus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfolobus solfataricus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfolobus tokodaii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfolobus virus STSV1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfuricurvum kujiense</i>	0.65	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Sulfurihydrogenibium azorense</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sulfurihydrogenibium sp. YO3AOP1</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Sulfurihydrogenibium yellowstonense</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfurimonas autotrophica</i>	0.07	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Sulfurimonas denitrificans</i>	0.18	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Sulfurospirillum deleyianum</i>	0.04	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Sulfurovum sp. NBC37-1</i>	0.06	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Sus scrofa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Symbiobacterium thermophilum</i>	0.07	0.03	0.04	0.08	0.07
<i>Synechococcus elongatus</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Synechococcus phage S-PM2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus phage S-RSM4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus phage syn9</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus sp. BL107</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus sp. CC9311</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Synechococcus sp. CC9605</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Synechococcus sp. CC9902</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Synechococcus sp. JA-2-3B'a(2-13)</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Synechococcus sp. JA-3-3Ab</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Synechococcus sp. PCC 7002</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Synechococcus sp. PCC 7335</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Synechococcus sp. RCC307</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Synechococcus sp. RS9916</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus sp. RS9917</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus sp. WH 5701</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus sp. WH 7803</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus sp. WH 7805</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Synechococcus sp. WH 8102</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Synechococcus sp. WH 8109</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Synechocystis</i> sp. PCC 6803	0.05	0.00	0.00	0.02	0.04
<i>Synedra acus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Syntrichia ruralis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Syntrophobacter fumaroxidans</i>	0.23	0.01	0.01	0.05	0.20
<i>Syntrophomonas wolfei</i>	0.05	0.01	0.01	0.02	0.08
<i>Syntrophothermus lipocalidus</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Syntrophus aciditrophicus</i>	0.29	0.00	0.01	0.05	0.19
<i>Taeniopygia guttata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Talaromyces stipitatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Teredinibacter turnerae</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Terriglobus saanensis</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Tetrahymena thermophila</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thalassiobium</i> sp. R2A62	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thalassiosira oceanica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thalassiosira pseudonana</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thalassomonas phage BA3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thauera</i> sp. MZIT	1.39	0.00	0.09	0.12	0.06
<i>Theileria annulata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Theileria parva</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermaerobacter marianensis</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Thermaerobacter subterraneus</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thermanaerovibrio acidaminovorans</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Thermincola potens</i>	0.06	0.01	0.01	0.02	0.07
<i>Thermoanaerobacter brockii</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thermoanaerobacter ethanolicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermoanaerobacter italicus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Thermoanaerobacter mathranii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermoanaerobacter pseudethanolicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermoanaerobacter</i> sp. X513	0.02	0.01	0.01	0.02	0.04
<i>Thermoanaerobacter</i> sp. X514	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermoanaerobacter</i> sp. X561	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermoanaerobacter wiegelii</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Thermoanaerobacterium</i> <i>thermosaccharolyticum</i>	0.02	0.00	0.01	0.02	0.05
<i>Thermobaculum terrenum</i>	0.07	0.00	0.01	0.01	0.03
<i>Thermobifida fusca</i>	0.03	0.05	0.04	0.05	0.06

<i>Thermobispora bispora</i>	0.02	0.03	0.02	0.02	0.04
<i>Thermococcus barophilus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermococcus gammatolerans</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermococcus kodakarensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermococcus onnurineus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermococcus sibiricus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermococcus sp. AM4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermococcus sp. AMT11</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermocrinis albus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermodesulfovibrio yellowstonii</i>	0.21	0.00	0.00	0.01	0.06
<i>Thermofilum pendens</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermomicrobium roseum</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thermomonospora curvata</i>	0.02	0.05	0.04	0.05	0.05
<i>Thermoplasma acidophilum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermoplasma volcanium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermoproteus neutrophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermosediminibacter oceani</i>	0.04	0.00	0.00	0.02	0.05
<i>Thermosinus carboxydivorans</i>	0.04	0.00	0.01	0.04	0.08
<i>Thermosipho africanus</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Thermosipho melanesiensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Thermosphaera aggregans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermosynechococcus elongatus</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thermotoga lettingae</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Thermotoga maritima</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Thermotoga naphthophila</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermotoga neapolitana</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermotoga petrophila</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermotoga sp. RQ2</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermotogales bacterium mesG1.Ag.4.2</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Thermus aquaticus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Thermus phage P74-26</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Thermus thermophilus</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.04
<i>Thioalkalivibrio sp. HL-EbGR7</i>	0.32	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Thioalkalivibrio sp. K90mix</i>	0.10	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Thiobacillus denitrificans</i>	4.68	0.00	0.05	0.05	0.05

<i>Thiomicrospira crunogena</i>	0.10	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Thiomonas intermedia</i>	0.29	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Thiomonas sp. 3As</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tolomonas auensis</i>	0.05	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Toxoplasma gondii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Treponema denticola</i>	0.02	0.01	0.01	0.01	0.05
<i>Treponema pallidum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Treponema vincentii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Tribolium castaneum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trichodesmium erythraeum</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Trichomonas vaginalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Trichophyton verrucosum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trichoplax adhaerens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Triticum aestivum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tropheryma whipplei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Truepera radiovictrix</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Trypanosoma brucei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Trypanosoma cruzi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Tsakamurella paurometabola</i>	0.01	0.11	0.09	0.09	0.06
<i>Tuber melanosporum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Turicibacter sanguinis</i>	0.00	0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Typha latifolia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Uncinocarpus reesii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ureaplasma parvum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ustilago maydis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vanderwaltozyma polyspora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Variovorax paradoxus</i>	1.62	0.00	0.13	0.11	0.10
<i>Vaucheria litorea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Veillonella atypica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Veillonella dispar</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Veillonella parvula</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Veillonella sp. 3_1_44</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Veillonella sp. 6_1_27</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Veillonella sp. oral taxon 158</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ventrifossa garmani</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Verminephrobacter eiseniae</i>	1.63	0.03	0.23	0.26	0.11
<i>Verrucomicrobiae bacterium DG1235</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Verrucomicrobium spinosum</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Verticillium albo-atrum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio alginolyticus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio caribbenthicus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio cholerae</i>	0.05	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Vibrio coralliilyticus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio furnissii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio harveyi</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Vibrio metschnikovii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio mimicus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio orientalis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Vibrio phage N4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio phage VHML</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio phage VP882</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio phage nt-1 sensu lato</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio shilonii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Vibrio sp. 09022</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio sp. 0908</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio sp. AND4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio sp. Ex25</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Vibrio sp. MED222</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio sp. RC341</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio sp. RC586</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio splendidus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Vibrio tapetis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibrio vulnificus</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Vibrionales bacterium SWAT-3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Vibriophage VP4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Victivallis vadensis</i>	0.02	0.00	0.00	0.01	0.09
<i>Vitis vinifera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Volvox carteri</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Vulcanisaeta distributa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Waddlia chondrophila</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>Weissella paramesenteroides</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Welwitschia mirabilis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>White spot syndrome virus 1</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wigglesworthia glossinidia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wolbachia endosymbiont of Brugia malayi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wolbachia endosymbiont of Culex quinquefasciatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wolbachia endosymbiont of Drosophila ananassae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wolbachia endosymbiont of Drosophila melanogaster</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wolbachia endosymbiont of Drosophila simulans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wolbachia endosymbiont of Muscidifurax uniraptor</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wolbachia sp. wRi</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Wolinella succinogenes</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Xanthobacter autotrophicus</i>	0.12	0.01	0.02	0.02	0.03
<i>Xanthomonas albilineans</i>	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Xanthomonas axonopodis</i>	0.05	0.00	0.01	0.01	0.02
<i>Xanthomonas campestris</i>	0.10	0.00	0.01	0.02	0.03
<i>Xanthomonas euvesicatoria</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Xanthomonas fuscans</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Xanthomonas oryzae</i>	0.07	0.00	0.01	0.02	0.02
<i>Xanthomonas phage OP2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Xanthomonas phage Xop411</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Xanthomonas phage Xp15</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Xenopus (Silurana) tropicalis</i>	0.16	0.00	0.02	0.02	0.01
<i>Xenorhabdus bovienii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Xenorhabdus nematophila</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Xylanimonas cellulositytica</i>	0.01	0.02	0.01	0.02	0.02
<i>Xylella fastidiosa</i>	0.08	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>Yarrowia lipolytica</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia aldovae</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia bercovieri</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00

<i>Yersinia enterocolitica</i>	0.03	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Yersinia frederiksenii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia intermedia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia kristensenii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia mollaretii</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia pestis</i>	0.04	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Yersinia phage Berlin</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia phage L-413C</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia phage PY54</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia phage Yepe2</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01
<i>Yersinia rohdei</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Yersinia ruckeri</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Zunongwangia profunda</i>	0.01	0.00	0.00	0.05	0.10
<i>Zygnema circumcarinatum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Zygosaccharomyces rouxii</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Zymomonas mobilis</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>alpha proteobacterium BAL199</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>alpha proteobacterium HIMB114</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>bacterium Ellin514</i>	0.20	0.00	0.00	0.02	0.08
<i>beta proteobacterium KB13</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>candidate division TM7 genomosp. GTL1</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>candidate division TM7 single-cell isolate TM7a</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>candidate division TM7 single-cell isolate TM7b</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>candidate division TM7 single-cell isolate TM7c</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>cyanobacterium UCYN-A</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>delta proteobacterium MLMS-1</i>	0.12	0.00	0.00	0.01	0.09
<i>delta proteobacterium NaphS2</i>	0.13	0.00	0.00	0.02	0.09
<i>gamma proteobacterium HTCC2207</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>gamma proteobacterium HTCC5015</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>gamma proteobacterium HdN1</i>	0.07	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>gamma proteobacterium NOR5-3</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01

<i>gamma proteobacterium NOR51-B</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>marine actinobacterium PHSC20C1</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02
<i>marine gamma proteobacterium HTCC2080</i>	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>marine gamma proteobacterium HTCC2143</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>marine gamma proteobacterium HTCC2148</i>	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>uncultured Termite group I bacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>uncultured bacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>uncultured methanogenic archaeon RC-I</i>	0.04	0.00	0.00	0.01	0.03
<i>unidentified eubacterium SCB49</i>	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
