

**Figure S2.** Microarray comparisons of bacterial communities between PW and UP water (**A**), PW water and PW ETBE-enrichments (**B**), UP water and UP ETBE-enrichments (**C**), and PW ETBE-enrichments and UW ETBE-enrichments (**D**). The probes whose signals cumulatively contributed to up to 50% differences in bacterial community composition between each pair of compared groups according to SIMPER and statistically differed between the two groups according to Wilcoxon rank sum tests ( $P < 0.05$ ), are shown together with their targets. The probe signal intensities are indicated by a heatmap.

**A**

Taxonomical affiliation	Probe target	Probe	PW_VI/08	PW_XI/08	PW_III/09	PW_IV/09	UW_VI/08	UW_XI/08	UW_III/09	UW_IV/09
Alphaproteobacteria	Rhizobiaceae, Brucellaceae, Bartonella, Phyllobacteriaceae, Blastochloris, Azospirillum irakense and amazonense	<b>Rzbc1247</b>	0,0	0,9	0,7	0,9	3,3	2,2	3,1	2,9
	Agrobacterium genomospecies G1, G3, G4, and G7, A. rubi, A. larrymoorei, some Rhizobium and some Brevundimonas	<b>B6-603</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	1,4	0,7	1,4	1,8
	Xanthobacter	<b>Xan</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	2,1	1,0	1,4	1,7
Betaproteobacteria	Cowdria	<b>Cow1</b>	1,8	1,5	1,3	1,3	3,5	2,1	3,1	2,9
	Azoarcus	<b>Arcus1</b>	1,8	1,1	4,8	4,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	Azoarcus	<b>Arcus2</b>	2,5	1,5	5,4	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0
	few Azoarcus spp.	<b>AZA463</b>	1,8	0,7	4,5	2,9	0,0	0,0	0,0	0,0
	Most Nitrosospira	<b>Nit1A</b>	2,3	3,2	4,1	3,0	0,8	0,6	1,0	0,0
	Some Nitrosospira	<b>Nit1C</b>	4,4	5,9	6,5	6,0	1,7	4,2	3,2	1,9
	Acidovorax cattleyae, Acidovorax citrulli, Acidovorax avenae	<b>Acave3</b>	1,5	1,7	3,2	2,5	0,0	0,0	0,7	0,0
	Acidovorax cattleyae, Acidovorax citrulli, Acidovorax avenae	<b>Acave4</b>	1,8	2,0	3,8	2,8	0,4	0,6	1,2	0,4
	acquirer clones affiliated to Acidovorax	<b>AcidP2cln</b>	2,1	2,5	3,7	3,4	0,0	0,0	0,0	0,0
	acquirer clones affiliated to Polaromonas; Polaromonas naphthalenivorans; Polaromonas hydrogenivorans	<b>Polarcln</b>	3,2	3,2	1,7	2,6	0,0	0,0	0,0	0,0
	acquirer clones affiliated to Comamonadaceae	<b>Rhodofcln</b>	1,0	1,7	3,0	2,9	0,0	0,0	0,0	0,0
	Janthinobacterium agaricidamnorum, Massilia timonae, Massilia aerilata, Massilia plicata	<b>Janaga2</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	0,2	3,1	2,9
	Janthinobacterium agaricidamnorum, Massilia timonae, Massilia aerilata, Massilia plicata	<b>Janaga3</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	1,1	0,7	4,2	4,4
	acquirer clones affiliated to Oxalobacteraceae	<b>Dugacln</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	1,6	3,4	3,4
	Herbaspirillum huttiense, Herbaspirillum putei, Herbaspirillum magnetovibrio	<b>Hefri4</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	1,1	2,1	1,4
Gammaproteobacteria	Ralstonia solanacearum, Ralstonia mannitolilytica	<b>Rasol1</b>	2,0	2,7	1,6	1,4	0,0	0,0	0,0	0,0
	acquirer clones affiliated to Cupriavidus; several Cupriavidus spp., Ralstonia spp., Wautersia spp.	<b>Ralstcln2</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	1,2	2,2	2,8	1,9
	Pseudomonas	<b>PseuD</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	1,1	1,2	3,4	1,6
	Eikenella corrodens, Neisseria flavescens	<b>Eikcor2</b>	3,1	3,5	3,2	2,5	0,9	1,7	1,9	1,2
Deltaproteobacteria	Moraxella	<b>Mor1</b>	2,0	1,5	1,9	1,8	0,0	0,5	0,8	0,0
	Desulfobacterium	<b>DVLVT222f</b>	2,7	4,0	1,8	1,8	0,0	0,0	0,0	0,0
	Desulfobacterium	<b>221</b>	2,0	2,4	1,1	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0
Epsilonproteobacteria	Myxococcus and Coralloccoccus	<b>MyxCor1</b>	1,5	1,9	1,1	1,2	0,2	0,4	0,0	0,0
	Sulfuricurvum	<b>Epsi3</b>	1,5	1,8	0,6	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0
Cyanobacteria	acquirer clones affiliated to Syntrophaceae; Syntrophus gentianae, Syntrophus buswellii, Syntrophus aciditrophicus	<b>Syncln1</b>	2,6	2,7	1,5	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	Prochlorothrix	<b>Prochlo1</b>	2,5	2,4	0,9	2,8	0,0	0,8	0,0	0,5
Firmicutes	Paenibacillus and Brevibacillus	<b>PeBr</b>	2,2	2,4	0,9	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0
	acquirer clones affiliated to Ruminococcaceae	<b>acetovcln</b>	2,0	1,1	1,7	1,8	0,0	0,0	0,0	0,0
Actinobacteria	Frankia	<b>Frank16</b>	1,5	1,9	0,9	0,8	0,0	0,2	0,0	0,0
	Nitrospira	<b>NSR1156</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	2,5	0,9	1,1	1,5
Nitrospira	Nitrospira	<b>NSR826</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	2,4	1,2	1,2	2,1
	acquirer clones affiliated to Treponema	<b>trepcln</b>	4,8	4,7	4,4	5,1	0,0	0,0	0,0	0,0
Spirochaetes	acquirer clones affiliated to Treponema	<b>Varcln3</b>	1,9	2,4	1,6	1,9	0,5	0,5	0,3	0,3

# B

Taxonomical affiliation	Probe target	Probe	PW_ETBE_I1	PW_ETBE_I2	PW_ETBE_S1	PW_ETBE_S2	PW_ETBE_S3	PW_06/08	PW_XI/08	PW_III/09	PW_IV/09	
Alphaproteobacteria	Rhizobiaceae, Brucellaceae, Bartonella, Phyllobacteriaceae, Blastochloris, Azospirillum irakense and amazonense	<b>Rzbc1247</b>	2,8	5,6	3,2	2,8	2,5	0,0	0,9	0,7	0,9	
	Bradyrhizobiaceae	<b>Brady4</b>	3,8	5,2	5,6	3,9	5,8	2,3	2,2	0,7	2,0	
	Rhodopseudomonas	<b>Rhodopseud</b>	2,0	6,6	3,5	2,0	3,8	0,0	0,0	0,0	0,0	
	Xanthobacter	<b>Xan</b>	2,9	4,2	2,6	2,4	1,8	0,0	0,0	0,0	0,0	
Betaproteobacteria	Betaproteobacteria (excepted Comamonadaceae, Nitrosomonadaceae and Methylophilaceae)	<b>BET940</b>	6,2	4,4	6,3	6,4	6,1	3,8	3,5	4,2	4,2	
	Hydrogenophaga flava, pseudoflava and taeniospiralis	<b>HyMa2</b>	8,0	6,2	7,8	8,0	7,8	0,0	1,1	0,0	0,0	
	ETBE-enrichment clones affiliated to Hydrogenophaga; Hydrogenophaga taeniospiralis	<b>HydETBE1</b>	8,1	5,3	9,3	8,8	8,4	0,8	2,6	1,3	0,8	
	ETBE-enrichment clones affiliated to Hydrogenophaga; Hydrogenophaga taeniospiralis	<b>HydETBE3</b>	4,9	3,0	4,9	5,0	5,1	0,0	0,5	0,0	0,0	
	Most Nitrosospira	<b>Nit1B</b>	6,3	5,1	6,5	6,5	6,2	2,4	3,2	3,9	3,6	
	Azoarcus	<b>Arcus1</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,8	1,1	4,8	4,0	
	Azoarcus	<b>Arcus2</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,5	1,5	5,4	4,3	
	acquirer clones affiliated to Polaromonas; Polaromonas naphthalenivorans; Polaromonas hydrogenivorans	<b>Polarcln</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,2	3,2	1,7	2,6	
	Herbaspirillum seropedicae, Massilia timonae	<b>Hefri2</b>	0,0	0,9	0,0	0,0	0,0	1,2	1,2	5,1	3,5	
	acquirer clones affiliated to Acidovorax few Azoarcus spp.	<b>AcidP2cln</b>	2,3	0,0	0,0	0,0	0,0	2,1	2,5	3,7	3,4	
Gammaproteobacteria	acquirer clones affiliated to Comamonadaceae	<b>AZA463</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,8	0,7	4,5	2,9	
	Aquicola tertiaricarbonis	<b>Rhodofcln</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0	1,7	3,0	2,9	
	Xanthomonas	<b>Aqutert</b>	0,0	1,9	0,0	0,0	0,0	2,7	3,0	2,3	1,8	
	Xanthomonas	<b>XAN818</b>	2,5	4,7	1,9	1,5	0,5	0,0	0,0	1,1	0,0	
	Deltaproteobacteria	Desulfovibrio	<b>DVLVT222f</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,7	4,0	1,8	1,8
		Epsilonproteobacteria	Campylobacter	<b>Campy</b>	1,0	0,4	0,0	0,0	0,0	3,1	2,7	1,8
	acquirer clones affiliated to Syntrophaceae; Syntrophus gentianae, Syntrophus buswellii, Syntrophus aciditrophicus		<b>Syncln1</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,6	2,7	1,5	2,0
	Actinobacteria		Actinomycetales	<b>ActORD1</b>	0,0	3,5	4,0	3,2	2,8	0,0	0,0	0,0
	Cyanobacteria	Prochlorothrix	<b>Prochlo1</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,5	2,4	0,9	2,8
	Spirochaetes	acquirer clones affiliated to Treponema	<b>trepncln</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,8	4,7	4,4	5,1
unclassified	acquirer clones affiliated to unclassified Bacteria (with closest relatives affiliated to Acetanaerobacterium)	<b>acetancln</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,7	4,1	2,2	3,4	
	Most Planctomycetes	<b>Plancto4-mB</b>	0,0	0,6	0,0	0,0	0,0	2,6	2,7	2,0	2,5	

C

Taxonomical affiliation	Probe target	Probe	UW_ETBE_I1	UW_ETBE_I2	UW_ETBE_I3	UW_ETBE_S1	UW_ETBE_S2	UW_III/09	UW_XI/08	UW_IV/09	UW_VI/08	
Alphaproteobacteria	Rhizobiaceae (excepted Agrobacterium), Bradyrhizobiaceae, Brucellaceae and Brevundimonas	Rhizo157	4,9	6,0	5,3	4,8	3,6	2,6	0,9	1,6	1,2	
	Rhizobiaceae, Brucellaceae, Bartonella, Phyllobacteriaceae, Blastochloris, Azospirillum irakense and amazonense	Rzbc1247	4,4	4,7	4,7	5,0	4,9	3,1	2,2	2,9	3,3	
	Rhizobiaceae (excepted Agrobacterium)	Rhi	2,9	3,0	3,3	3,0	1,9	1,1	0,5	0,7	0,4	
	Some Rhizobium, Mesorhizobium, Phyllobacterium, Methylobacterium, Acetobacter, Gluconacetobacter, Rhodospirillaceae	Rgal157	4,0	4,1	2,3	4,3	4,0	1,0	0,8	0,9	0,8	
	Mesorhizobium/Rhizobium	Phyllobact	4,8	3,1	1,3	4,9	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0	
	ETBE-enrichment clones affiliated to Mesorhizobium	Mesocln1	5,4	1,5	0,0	4,4	3,9	0,0	0,0	0,0	0,0	
	ETBE-enrichment clones affiliated to Devosia; several Devosia spp., Pelagibacterium halotolerans, Cucumibacter marinus	Davocln1	3,9	2,3	3,7	4,9	4,9	1,2	0,0	0,0	1,0	
	Bradyrhizobiaceae	Brady4	3,1	5,2	4,6	5,5	5,3	2,1	1,6	3,1	1,5	
	Most Bradyrhizobium and Afipia	Brady6A	1,7	1,9	1,8	2,5	2,2	0,0	0,0	1,1	0,0	
	Rhodospirillum	Rhodo2	1,2	2,1	2,0	2,2	1,4	0,5	0,0	0,9	0,0	
	Rhodopseudomonas	Rhodopseud	1,8	3,1	3,0	1,3	0,7	0,4	0,6	0,0	0,5	
	Betaproteobacteria	Betaproteobacteria	Beta2	0,0	0,6	0,0	1,2	0,0	4,6	2,3	3,3	3,3
		Betaproteobacteria	Beta3	0,0	0,0	0,0	0,7	0,0	3,0	2,2	2,5	2,3
		Janthinobacterium agaricidamnosum, Massilia timonae, Massilia aerilata, Massilia plicata	Janaga2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,2	2,9	0,6
		Janthinobacterium agaricidamnosum, Massilia timonae, Massilia aerilata, Massilia plicata	Janaga3	0,0	0,9	0,0	0,0	0,0	4,2	0,7	4,4	1,1
Herbaspirillum seropedicae, Massilia timonae		Hefri2	1,8	0,0	0,0	0,6	0,0	4,4	3,5	4,5	1,7	
Most Nitrospira		Nit1B	0,0	1,6	0,0	0,0	1,4	3,4	3,3	2,3	1,5	
ETBE-enrichment clones affiliated to Aquabacterium		Aquacln2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,7	1,1	1,6	1,9	
acquirer clones affiliated to Oxalobacteraceae		Dugacln	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,4	1,6	3,4	0,6	
Aquicola tertiarycarbonis		Aqutert	0,5	0,0	0,8	0,4	0,0	3,0	1,1	1,5	2,8	
Actinobacteria		Actinomycetales	ActORD1	3,0	3,6	3,2	2,3	3,5	1,3	0,3	0,4	0,5
		Most Actinobacteria	HGC236-m	2,9	3,0	2,7	1,4	2,9	1,1	0,5	0,6	0,8
		Pseudonocardia spp. (P. hydrocarbonoxydans, P. sulfidoxydans, P. benzenivorans, P. oroxyli, P. ailaonensis, P. petroleophila)	Psdonoca	2,8	2,9	2,5	3,1	4,7	0,6	0,0	0,0	0,0
		ETBE-enrichment clones affiliated to Pseudonocardia	Psenocln2	1,2	0,7	1,8	2,7	3,7	0,0	0,0	0,0	0,0
		ETBE-enrichment clones affiliated to Gordonia; Gordonia terrae	Gordcln3	2,8	3,4	0,5	2,0	3,0	0,0	0,0	0,0	0,0
		Mycobacterium	Mycoba1	2,0	2,2	1,6	0,0	1,9	0,0	0,0	0,0	0,0
	Mycobacterium	Mycoba2	2,2	2,6	1,8	0,9	2,2	0,0	0,0	0,0	0,0	
	ETBE-enrichment clones affiliated to Leifsonia; Leifsonia kribbensis, Lysinimonas soli	Leifcln2	1,9	0,0	1,0	2,1	3,8	0,0	0,0	0,0	0,0	
	Gammaproteobacteria	Xanthomonas	XAN818	2,4	1,9	4,6	3,2	2,9	0,6	0,0	0,0	1,8
		Pseudomonas	Pseud	0,0	0,9	0,0	0,0	0,0	3,4	1,2	1,6	1,1
acquirer clones affiliated to Cupriavidus; several Cupriavidus spp., Ralstonia spp., Wautersia spp.		Ralstcln2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,8	2,2	1,9	1,2	
Achromatium		Achro1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,1	2,3	1,5	2,1	
Firmicutes	Bacillus agaradherens	Adh	1,7	0,0	2,1	3,2	1,6	0,0	0,0	0,0	0,0	
	Nitrospira	Nitrospira	NSR1156	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,1	0,9	1,5	2,5
Nitrospira clones from UW		NitrospcIn	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,2	0,0	1,9	2,8	
Chloroflexi	ETBE-enrichment clones affiliated to Anaerolineaceae	Dehacln4	2,7	1,6	3,0	3,8	3,7	0,0	0,4	0,0	0,0	
	ETBE-enrichment clones affiliated to Anaerolineaceae	Dehacln5	2,9	1,7	3,6	3,6	4,4	0,0	0,0	0,0	0,0	
	ETBE-enrichment clones affiliated to Anaerolineaceae	Dehacln6	4,8	4,2	4,6	5,8	5,9	1,7	2,5	1,6	2,0	
	ETBE-enrichment clones affiliated to Anaerolineaceae	Dehacln9	0,6	0,0	0,5	0,5	0,0	1,1	3,5	1,2	1,9	
Planctomycetes	Most Planctomycetes	Plancto4-mA	0,0	1,4	0,8	0,0	0,0	1,3	1,8	2,9	2,9	
	Most Planctomycetes	Plancto4-mB	0,5	1,7	1,1	0,3	0,4	2,0	2,4	3,0	2,9	
PVC superphylum	certain Planctomycetes, Lentipshaerae, Verrucomicrobiaceae and OP3 candidate phylum	PLA46	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,8	1,0	2,4	2,5	
unclassified	acquirer clones affiliated to unclassified Bacteria	OP3cIn1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,3	1,3	2,5	2,9	
	acquirer clones affiliated to unclassified Bacteria	OP3cIn2	0,5	0,4	0,3	0,3	0,6	2,4	2,3	2,9	3,0	
	acquirer clones affiliated to unclassified Bacteria (with closest relatives affiliated to Acetanaerobacterium)	acetancIn	1,5	1,2	0,9	1,4	1,8	3,2	3,4	4,2	4,2	

# D

Taxonomical affiliation	Probe target	Probe	PW_ETBE_I1	PW_ETBE_I2	PW_ETBE_S1	PW_ETBE_S2	PW_ETBE_S3	UW_ETBE_I1	UW_ETBE_I2	UW_ETBE_I3	UW_ETBE_S1	UW_ETBE_S2
Alphaproteobacteria	Rhizobiaceae (excepted Agrobacterium), Bradyrhizobiaceae, Brucellaceae and Brevundimonas	<b>Rhizo157</b>	4,5	4,3	2,0	1,7	2,0	4,9	6,0	5,3	4,8	3,6
	Rhizobiaceae (excepted Agrobacterium)	<b>Rhi</b>	1,7	2,3	0,4	0,0	0,0	2,9	3,0	3,3	3,0	1,9
	Mesorhizobium/Rhizobium	<b>Phyllobact</b>	0,0	2,6	0,0	0,0	0,0	4,8	3,1	1,3	4,9	4,3
	ETBE-enrichment clones affiliated to Mesorhizobium	<b>Mesocln1</b>	0,0	1,3	0,0	0,0	0,0	5,4	1,5	0,0	4,4	3,9
	Agrobacterium genomospecies G1, G3, G4, and G7, A. rubi, A. larrymoorei, some Rhizobium and some Brevundimonas	<b>B6-603</b>	0,5	1,1	0,0	0,0	0,0	2,8	3,1	2,8	2,5	1,4
	ETBE-enrichment clones affiliated to Devosia; several Devosia spp., Pelagibacterium halotolerans, Cucumibacter marinus	<b>Davocln1</b>	0,0	2,8	2,7	2,3	1,7	3,9	2,3	3,7	4,9	4,9
Betaproteobacteria	Betaproteobacteria	<b>Beta2</b>	6,6	1,9	5,7	5,5	5,6	0,0	0,6	0,0	1,2	0,0
	Betaproteobacteria	<b>Beta3</b>	4,4	1,2	4,2	4,4	4,5	0,0	0,0	0,0	0,7	0,0
	Betaproteobacteria (excepted Comamonadaceae, Nitrosomonadaceae and Methylophilaceae)	<b>BET940</b>	6,2	4,4	6,3	6,4	6,1	2,2	2,8	1,5	3,7	1,6
	Hydrogenophaga flava, pseudoflava and taeniospiralis	<b>HyMa2</b>	8,0	6,2	7,8	8,0	7,8	0,0	3,5	0,3	0,0	2,1
	ETBE-enrichment clones affiliated to Hydrogenophaga; Hydrogenophaga taeniospiralis	<b>HydETBE1</b>	8,1	5,3	9,3	8,8	8,4	0,0	2,7	0,0	0,0	1,7
	ETBE-enrichment clones affiliated to Hydrogenophaga; Hydrogenophaga taeniospiralis	<b>HydETBE3</b>	4,9	3,0	4,9	5,0	5,1	0,0	0,7	0,0	0,0	0,5
	Most Nitrosospira	<b>Nit1B</b>	6,3	5,1	6,5	6,5	6,2	0,0	1,6	0,0	0,0	1,4
	Some Nitrosospira	<b>Nit1C</b>	8,3	3,8	9,8	8,9	8,8	0,0	2,1	0,0	0,0	1,1
	ETBE-enrichment clones affiliated to Aquabacterium	<b>Aquacln2</b>	4,8	0,6	3,7	3,6	3,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	Variovorax paradoxus	<b>Varpar</b>	4,1	0,6	4,0	3,9	3,9	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
Gammaproteobacteria	Nitrosococcus mobilis	<b>Nitmob</b>	2,5	0,6	2,6	2,7	2,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	acquirer clones affiliated to Cupriavidus; several Cupriavidus spp., Ralstonia spp., Wautersia spp.	<b>Ralstcln2</b>	0,0	0,0	1,7	3,9	4,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	Eikenella corrodens, Neisseria flavescens	<b>Eikcor2</b>	4,7	0,5	4,6	4,2	4,5	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0
Firmicutes	Paenibacillus alvei	<b>Palv</b>	2,9	0,3	2,9	2,9	3,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	Paenibacillus apiarius	<b>Palv2</b>	3,4	0,0	2,8	2,9	2,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Actinobacteria	ETBE-enrichment clones affiliated to Gordonia; Gordonia terrae	<b>Gordcln3</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,8	3,4	0,5	2,0	3,0
	Mycobacterium	<b>Mycoba2</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,2	2,6	1,8	0,9	2,2
	Pseudonocardia spp. (P. hydrocarbonoxydans, P. sulfidoxydans, P. benzenivorans, P. oroxyli, P. ailaonensis, P. petroleophila)	<b>Psdonoca</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,8	2,9	2,5	3,1	4,7
Nitrospira	ETBE-enrichment clones affiliated to Pseudonocardia	<b>Psenocln2</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,2	0,7	1,8	2,7	3,7
	Nitrospira	<b>NSR826</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,7	2,9	3,3	0,0	0,7
Chloroflexi	ETBE-enrichment clones affiliated to Anaerolineaceae	<b>Dehacln4</b>	0,0	0,0	0,0	0,7	0,0	2,7	1,6	3,0	3,8	3,7
	ETBE-enrichment clones affiliated to Anaerolineaceae	<b>Dehacln5</b>	0,0	0,0	0,9	0,9	0,8	2,9	1,7	3,6	3,6	4,4
	ETBE-enrichment clones affiliated to Anaerolineaceae	<b>Dehacln6</b>	2,2	1,1	2,8	2,7	2,5	4,8	4,2	4,6	5,8	5,9