

Supplemental Table S2: Order-Level Diversity (%) Pyrosequencing Data\*

Domain	Phylum	Class	Order	Sample Site						
				WCL I	WCL II	WCL III	PCTL	STR I	STR II	STR III
Archaea	<i>Euryarchaeota</i>	<i>Halobacteria</i>								
			<i>Halobacteriales</i>	0.14	0.35	0.44	0.00	0.02	0.00	0.01
		<i>Thermoplasmata</i>	<i>Thermoplasmatales</i>	0.29	0.41	0.41	0.00	0.00	0.14	0.03
	<i>Thamarchaeota</i>		Unclassified	0.29	0.21	0.32	0.00	0.00	0.00	0.00
		Marine Group I	Unclassified	0.83	2.48	0.90	0.00	0.17	0.61	0.00
		Soil Crenarchaeotic Group SCG	Unclassified	0.13	0.00	0.05	0.00	0.04	0.00	0.10
		South African Gold Mine Gp 1 (SAGMCG-1)	Unclassified	0.43	1.10	1.68	0.00	0.02	0.00	0.15
		Unclassified		0.31	0.48	0.65	0.00	0.00	0.00	0.00
Bacteria	<i>Acidobacteria</i>	<i>Acidobacteria</i>	<i>Acidobacteriales</i>	0.00	0.02	0.00	0.00	0.19	0.07	0.11
			Subgroup 17	0.05	0.22	0.00	0.00	0.17	0.00	0.19
			Subgroup 25	0.00	0.00	0.00	0.00	0.17	0.00	0.02
			Subgroup 3	0.38	0.07	0.18	0.00	0.10	0.11	0.07
			Subgroup 4	0.05	0.12	0.00	0.00	0.76	1.02	0.84
			Subgroup 6	0.02	0.03	0.00	0.00	0.13	0.26	0.45
	<i>Actinobacteria</i>	<i>Acidimicrobiia</i>								0.00
			<i>Acidimicrobiales</i>	0.09	0.45	0.16	0.00	0.25	0.00	0.35
		<i>Actinobacteria</i>	<i>Actinomycetales</i>	2.16	3.00	2.79	0.00	0.00	0.00	0.00
			<i>Corynebacteriales</i>	0.67	0.26	0.07	0.08	0.21	1.16	0.11
			<i>Frankiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.06	0.33	0.25
			<i>Glycomycetales</i>	0.02	0.03	0.39	0.00	0.00	0.00	0.00
			<i>Kineosporiales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.13
			<i>Micrococcales</i>	3.50	3.78	3.02	0.13	0.21	0.00	0.66
			<i>Micromonosporales</i>	0.00	0.03	0.00	1.78	0.11	0.67	0.16
			<i>Propionibacteriales</i>	1.12	0.91	1.31	0.40	0.19	0.00	0.18
			<i>Pseudonocardiales</i>	0.45	0.60	0.71	0.00	0.55	0.04	0.85
			<i>Streptomycetales</i>	0.09	0.00	0.18	0.08	0.04	0.00	0.12
			<i>Streptosporangiales</i>	0.27	0.00	0.09	0.00	0.02	0.00	0.01

MB-A2-108	Nitriliruptoria	Unclassified	0.07	0.12	0.00	0.00	0.19	0.58	0.27
		Euzebyales	0.11	0.05	0.14	0.00	0.06	0.00	0.00
		Nitriliruptorales	0.11	0.45	0.37	0.00	0.00	0.00	0.00
	TakashiAC-B11	Unclassified	0.00	0.00	0.00	0.00	0.21	0.28	0.41
	Thermoleophilia	Gaiellales	0.02	0.07	0.00	0.00	0.13	0.04	0.13
		Solirubrobacterales	0.00	0.12	0.00	0.00	0.11	0.09	0.20
Armatimonadetes									
	Armatimonadia	Unclassified	0.02	0.09	0.00	0.00	0.06	0.42	0.11
BD1-5									
	Unclassified	0.47	0.38	0.25	0.00	0.00	0.00	0.00	
Bacteroidetes									
	Bacteroidia	Bacteroidales	2.04	1.55	0.67	0.00	0.00	0.00	0.04
		Cytophagia	Cytophagales	0.11	0.28	0.21	0.00	0.32	0.05
		Order III	0.05	0.17	0.25	0.00	0.00	0.00	0.00
	Flavobacteriia	Flavobacteriales	0.18	0.74	0.62	0.00	0.49	0.63	0.74
		Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	0.22	0.88	0.46	0.00	1.90	0.89
	ODI		Unclassified	0.20	0.02	0.48	0.00	0.00	0.00
Chlamydiae									
	Chlamydiae	Chlamydiales	0.27	0.17	0.05	0.00	0.13	0.05	0.23
Chlorobi									
	Chlorobia	Chlorobiales	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.26	0.03
	Ignavibacteria	Ignavibacteriales	0.11	0.10	0.14	0.00	0.00	0.00	0.01
Chloroflexi									
	Anaerolineae	Anaerolineales	0.09	0.31	0.12	0.00	0.67	1.09	1.17
	Chloroflexia	Chloroflexales	0.00	0.00	0.00	0.00	0.08	0.00	0.15
	Gitt-GS-136	Unclassified	0.51	2.31	2.70	0.00	0.74	0.32	1.03

	JG30-KF-CM66								
		Unclassified	1.23	1.40	2.21	0.00	0.19	0.00	0.43
	S085								
		Unclassified	0.72	0.88	0.00	0.05	0.25	0.05	0.43
	SAR202`								
		Unclassified	7.49	5.88	7.03	0.00	0.30	0.44	0.38
	TK10								
		Unclassified	0.04	0.36	0.18	0.00	0.21	0.95	0.73
			0.23	0.26	2.07	0.00	0.00	0.00	0.00
			0.20	0.02	0.16	0.00	0.00	0.00	0.00
	Unclassified								
			0.43	0.28	2.24	0.00	0.00	0.00	0.00
Cyanobacteria									
	Melainabacteria								
		Caenarcaniphilales	0.05	0.19	0.07	0.00	0.02	0.00	0.07
Deferribacteres									
	Deferribacteres								
		Deferribacterales	0.05	0.03	0.14	0.00	0.00	0.00	0.00
Deinococcus-Thermus									
	Deinococci								
		Deinococcales	0.00	0.00	0.05	0.00	0.42	0.11	0.43
Elusimicrobia									
	Elusimicrobia								
		FCPU453	0.00	0.05	0.25	0.00	0.00	0.00	0.00
		Lineage IIc	0.14	0.28	0.09	0.00	0.00	0.00	0.00
		Lineage IV	0.07	0.02	0.65	0.00	0.00	0.00	0.00
		MVP-88	0.02	0.17	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Firmicutes									
	Bacilli								
		Bacillales	3.57	5.02	4.45	0.70	0.72	0.00	0.88
		Lactobacillales	6.01	6.18	6.66	37.26	0.34	0.28	0.37
	Clostridia								
		Clostridiales	0.14	0.05	0.02	0.00	0.10	0.04	0.10
	Erysipelotrichia								
		Erysipelotrichales	0.00	0.00	0.12	0.00	0.00	0.00	0.00
	Negativicutes								
		Selenomonadales	3.82	4.73	1.64	0.00	0.00	0.00	0.00
Fusobacteri									
	Fusobacteriia								
		Fusobacteriales	3.54	6.40	6.98	0.00	0.00	0.00	0.00
Gemmatimonadetes									
	Gemmatimonadetes								
		AT425-EubC11 terrestrial group	0.00	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.13
		Gemmatimonadales	0.13	0.21	0.35	0.00	0.61	0.30	0.54

		S0134 terrestrial group	0.00	0.24	0.12	0.00	0.08	0.00	0.09
JL-ETNP-Z39									
	Unclassified		0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.12
NPL-UPA2									
	Unclassified		0.51	0.74	1.29	0.00	0.29	1.30	0.67
Nitrospirae									
	Nitrospira								
		Nitrospirales	1.86	2.48	1.41	0.00	0.80	0.26	0.73
Omnitrophica									
	Unclassified		5.63	5.92	8.41	0.00	0.74	1.16	1.32
Planctomycetes									
	BD7-11								
		Unclassified	0.04	0.21	0.00	0.00	0.00	0.00	0.13
	OM190								
		Unclassified	0.60	0.74	0.00	0.00	0.36	0.00	0.23
	Phycisphaerae								
		CCM11a	0.16	0.26	0.48	0.00	0.00	0.18	0.02
		Phycisphaerales	0.00	0.12	0.00	0.00	0.17	0.67	0.30
		WD2101 soil group	0.00	0.00	0.00	0.00	0.30	0.00	0.48
		mle1-8	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02
	Pla4 lineage								
		Unclassified	1.48	1.26	2.24	0.00	0.02	0.00	0.12
	Planctomycetacia								
		Planctomycetales	0.63	1.52	0.53	0.00	2.34	4.23	4.76
Proteobacteria									
	Alphaproteobacteria								
		Caulobacteriales	0.05	0.03	0.07	0.00	0.40	0.37	0.37
		Rhizobiales	0.31	0.17	0.30	0.25	0.13	0.28	0.36
		Rhodospirillales	0.18	0.09	0.02	0.00	0.06	0.09	0.15
		Rickettsiales	0.25	0.03	0.00	0.00	0.02	0.07	0.00
		Sphingomonadales	0.49	0.09	0.00	0.00	1.29	1.67	1.51
	Betaproteobacteria								
		Burkholderiales	0.22	0.43	0.00	0.08	4.85	4.08	3.59
		Neisseriales	6.01	7.59	2.72	6.23	0.30	0.00	0.07
		Nitrosomonadales	0.40	0.36	0.25	0.00	0.10	0.00	0.37
		Rhodocyclales	0.00	0.00	0.00	0.00	0.11	0.49	0.66
		TRA3-20	0.00	0.16	0.09	0.00	0.00	0.00	0.02
	Deltaproteobacteria								
		Bdellovibrionales	0.20	0.33	0.21	0.00	0.04	0.00	0.12
		Desulfobacteriales	0.16	0.09	0.09	0.00	0.06	0.09	0.07
		Desulfurellales	0.81	0.69	0.44	0.00	0.29	0.00	0.38
		Desulfuromonadales	0.40	0.10	0.85	0.00	0.00	0.00	0.01
		GR-WP33-30	0.22	0.24	0.37	0.00	0.08	0.00	0.30
		Myxococcales	4.27	3.81	2.90	0.00	2.76	2.88	2.34

<i>Epsilonproteobacteria</i>								
	<i>Campylobacteriales</i>	0.27	0.10	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gammaproteobacteria</i>								
	<i>Acidithiobacillales</i>	0.01	0.02	0.00	0.00	<b>61.68</b>	<b>58.73</b>	<b>48.26</b>
	<i>Alteromonadales</i>	0.49	0.98	1.01	5.37	0.11	0.09	0.20
	<i>Chromatiales</i>	1.52	2.09	3.64	0.00	0.00	0.00	0.11
	<i>Enterobacteriales</i>	0.00	0.00	0.48	2.26	0.02	0.00	0.00
	KI89A clade	0.29	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Legionellales</i>	0.67	0.45	0.83	35.50	0.13	1.17	0.45
	NKB5	0.05	0.02	0.00	0.00	0.10	0.00	0.01
	<i>Oceanospirillales</i>	0.00	0.00	0.18	7.03	0.06	0.00	0.10
	PYR10d3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.30	0.00	0.01
	<i>Pasteurellales</i>	0.52	0.41	0.71	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Pseudomonadales</i>	18.36	4.16	4.75	0.00	0.49	0.81	1.16
	<i>Thiotrichales</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.46	0.61	0.00
	<i>Vibrionales</i>	0.00	0.00	0.00	2.74	0.25	0.00	0.00
	<i>Xanthomonadales</i>	4.46	3.16	4.68	0.00	3.22	4.07	3.29
	<i>Unclassified</i>	0.02	0.00	0.21	0.00	0.25	0.05	0.15
<hr/>								
SHA-109	Unclassified	0.00	0.00	0.00	0.00	0.15	1.81	0.35
<hr/>								
<i>Thermotogae</i>								
	<i>Thermotogales</i>	0.14	0.17	0.12	0.00	0.00	0.00	0.02
<hr/>								
<i>Verrucomicrobia</i>								
	<i>Opitutae</i>							
	<i>Opitutales</i>	0.09	0.14	0.00	0.00	0.10	0.00	0.47
	<i>Spartobacteria</i>							
	<i>Chthoniobacterales</i>	0.04	0.00	0.00	0.00	0.30	0.00	0.72
	<i>Verrucomicrobia Incertae Sedis</i>							
	Unclassified	0.52	0.66	0.00	0.00	0.08	0.00	0.18
		0.00	0.00	0.02	0.00	3.71	2.77	6.81
<hr/>								
Unassigned		4.04	4.55	7.26	0.00	0.70	0.58	1.51

\* Data only shown for representative OTUs above the 0.1% threshold