

INSTITUTO TECNOLÓGICO DE COSTA RICA

ESCUELA DE INGENIERÍA FORESTAL

COMPOSICIÓN Y DIVERSIDAD MICROBIANA DEL SUELO  
EN TRES COBERTURAS VEGETALES DEL PARQUE  
NACIONAL ISLA DEL COCO, COSTA RICA

TESIS PARA OPTAR POR EL TÍTULO DE INGENIERO FORESTAL CON EL  
GRADO ACADÉMICO DE LICENCIATURA

JAIR GRANADOS CHACÓN

CARTAGO, COSTA RICA, 2021



INSTITUTO TECNOLÓGICO DE COSTA RICA

ESCUELA DE INGENIERÍA FORESTAL

COMPOSICIÓN Y DIVERSIDAD MICROBIANA DEL SUELO  
EN TRES COBERTURAS VEGETALES DEL PARQUE  
NACIONAL ISLA DEL COCO, COSTA RICA

TESIS PARA OPTAR POR EL TÍTULO DE INGENIERO FORESTAL CON EL  
GRADO ACADÉMICO DE LICENCIATURA

JAIR GRANADOS CHACÓN

CARTAGO, COSTA RICA, 2021

# **COMPOSICIÓN Y DIVERSIDAD MICROBIANA DEL SUELO EN TRES COBERTURAS VEGETALES DEL PARQUE NACIONAL ISLA DEL COCO, COSTA RICA**

**Jair Granados-Chacón\***

## **RESUMEN**

El Parque Nacional Isla del Coco (PNIC), ubicado en el Pacífico Este Tropical a 500 km de la tierra continental de Costa Rica, es reconocido por su vasta diversidad y esfuerzos de conservación. Los procesos ecológicos del ecosistema terrestre de la Isla del Coco se mantienen, en gran medida, desconocidos. Entre ellos, escasamente investigada, se encuentra la composición microbiana, responsable de los procesos bioquímicos del suelo. Este estudio permitió analizar la composición de bacterias y hongos del suelo y la influencia que tienen la temperatura media anual, elevación y variables fisicoquímicas del suelo sobre su diversidad en tres coberturas vegetales: cobertura arbustiva, bosque pluvial premontano y bosque nuboso. Se registró la temperatura de los sitios en un periodo de cuatro años utilizando sensores. Además, se recolectaron muestras de suelo del horizonte A para el análisis de la composición fisicoquímica y microbiana; además, se recolectaron muestras del horizonte O del bosque nuboso para comparar el microbioma, al ser la única cobertura con este horizonte desarrollado. Posteriormente, se extrajo el ADN de las muestras de suelo y se secuenció parcialmente la región V4 del gen que codifica para el ARNr 16S en el caso de bacterias y el Espaciador Transcrito Interno 2 (ITS-2) para hongos. Los análisis permitieron determinar diferencias entre la diversidad microbiana de los sitios, los organismos responsables de estas variaciones se distribuyeron en los filotipos bacterianos Acidobacteria, Proteobacteria y Planctomycetes mientras que para hongos los principales filotipos se ubicaron principalmente en Ascomycota y

Basidiomycota. La comunidad fúngica en el bosque nuboso no presentó diferencias en la composición entre el horizonte A y horizonte O del suelo. Las variables ambientales altitud, temperatura media anual y manganeso lograron explicar en un 59% las variaciones de la composición de bacterias entre los sitios. Finalmente, la ecología y abundancia de algunos filotipos como Sinobacteraceae, Syntrophobacteracea, Chaetomiaceae y *Trichosporon* tienen potencial de ser indicadores de la degradación de los bosques de Isla del Coco, por alteración de la fauna introducida.

**Palabras claves:** Isla del Coco, microbiota, diversidad microbiana, fauna invasora

\*Granados-Chacón, J. 2021. *Composición y diversidad microbiana del suelo en tres coberturas vegetales del Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica*. **Tesis de Licenciatura**. Escuela de Ingeniería Forestal, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Cartago, Costa Rica. 83 p.

## ABSTRACT

The Isla del Coco National Park (PNIC), located in the Eastern Tropical Pacific at 500 km from Costa Rican continental territory, is recognized by its outstanding diversity and conservation efforts. The ecological processes of Isla del Coco's terrestrial ecosystem are poorly understood. One of them, soil microbial composition, responsible for soil biochemical processes, has not been documented yet. This study analyzes the composition of soil bacterial and fungal communities and the influence of mean annual temperature, elevation and physicochemical soil variables on such diversity in three sites with different tree coverage: shrubs, premontane rain forest and cloud forest. The temperature of the sites was registered in a period of four years using sensors. Soil samples were collected from soil horizon A for physicochemical properties and microbial analyses; likewise, samples were collected from the O horizon of the cloud forest to compare the microbiome, as it was the only coverage with this developed horizon. Subsequently, the DNA was extracted from the soil samples and the V4 region of the gene that codes for 16S rRNA for bacterial and the Internal Transcribed Spacer 2 (ITS-2) for fungi were partially sequenced. Analysis allowed to determine differences between the microbial diversity of the sites, the microorganisms responsible of these variations are phylotypes within Acidobacteria, Proteobacteria and Planctomycetes for bacterial; while for fungi, the phylotypes are primarily within Ascomycota and Basidiomycota. The soil fungal community in the cloud forest did not present differences of the composition between A horizon and O horizon. The altitude, mean annual temperature and manganese availability explained 59% of the variations in bacterial composition between sites. Finally, the ecology and abundance of the phylotypes Sinobacteraceae, Syntrophobacteraceae, Chaetomiaceae and *Trichosporon* have the potential to be indicators of the degradation of the forests of Isla del Coco, due to the alteration of the introduced fauna.

**Keywords:** Isla del Coco, microbiota, microbial diversity, invasive fauna.


# ACREDITACIÓN

## CONSTANCIA DE DEFENSA PÚBLICA DE PROYECTO DE GRADUACIÓN

Trabajo final de graduación defendido públicamente ante el Tribunal Evaluador integrado por MAP. Luis Guillermo Acosta Vargas, Lic. Esteban Herrera Herrera, M.Sc. Ibrahim Zúñiga Chaves y PhD. Adrián A. Pinto Tomás como requisito parcial para optar por el grado de Licenciatura en Ingeniería Forestal del Instituto Tecnológico de Costa Rica

---

Luis Guillermo Acosta Vargas, MAP.  
Director de Tesis



---

Ibrahim Zúñiga Chaves, M.Sc.  
Lector

---

Esteban Herrera Herrera, Lic.  
Lector

---

Adrián A. Pinto Tomás, PhD.  
Lector

---

Dorian Carvajal Vanegas M.Sc.  
Coordinador de Trabajos Finales de  
Graduación

---

Jair Granados Chacón  
Estudiante

## **AGRADECIMIENTOS**

A mi padre Félix Ángel Granados Sánchez y a mi madre Jeanette Chacón Arias; así como a mi hermano Félix Jaziel Granados Chacón, por su apoyo incondicional.

A Luis Guillermo Acosta Vargas, por su confianza y mentoría para llevar a cabo este trabajo, pero sobre todo por su amistad.

A los guardaparques y funcionarios del Parque Nacional Isla del Coco, por permitir llevar a cabo esta investigación.

A mis amigos Priscilla Solano Solano, Luis Alejandro Gómez Vargas, Ana Sofía Jara Solís y Valerie Elizondo, por acompañarme durante este proceso.

A los lectores Esteban Herrera Herrera, Ibrahim Zúñiga Chaves y Adrián A. Pinto Tomás, por las observaciones y recomendaciones realizadas.

# ÍNDICE GENERAL

|   |     |
|---|-----|
| RESUMEN .....   | i   |
| ABSTRACT .....  | iii |
| ACREDITACIÓN .....  | iv  |
| AGRADECIMIENTOS .....   | i   |
| 1. INTRODUCCIÓN .....   | 1   |
| 1.1. Objetivos .....  | 4   |
| 1.1.1. Objetivo general .....   | 4   |
| 1.1.2. Objetivos específicos.....   | 4   |
| 2. METODOLOGÍA .....  | 5   |
| 2.1. Sitio de estudio .....   | 5   |
| 2.2. Determinación de temperatura media anual .....                           | 6   |
| 2.3. Muestreo de suelos para análisis químicos y de la textura del suelo..... | 7   |
| 2.4. Muestreo de suelos para el análisis de microbioma y secuenciación .....  | 7   |
| 2.5. Análisis estadístico.....  | 10  |
| 3. RESULTADOS.....  | 12  |
| 3.1. Análisis de secuenciación de la comunidad de bacterias y hongos.....     | 12  |
| 3.2. Principales taxones del microbioma.....                                  | 13  |



|   |    |
|---|----|
| 3.3. Diversidad alfa .....  | 17 |
| 3.4. Influencia de las variables ambientales en el microbioma ..... | 18 |
| 4. DISCUSIÓN .....  | 25 |
| 5. CONCLUSIONES .....   | 34 |
| 6. RECOMENDACIONES .....  | 35 |
| 7. REFERENCIAS .....  | 36 |
| 8. ANEXOS .....   | 52 |

## ÍNDICE DE CUADROS

|  |    |
|--|----|
| Cuadro 1. Muestras tomadas para determinar la temperatura media anual de los sitios de estudio en los periodos 2016-2019 (Ex) y 2017-2020 (bp-P y bn). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.....  | 19 |
| Cuadro 2. Medias de las variables químicas y la textura del suelo por cobertura: arbustos (Ex), bosque pluvial premontano (bp-P) y bosque nuboso (bn). Errores representan desviación estándar. Letras diferentes indican diferencias estadísticamente significativas ( $p>0,05$ ). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021..... | 19 |

## ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1. Ubicación del Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica. A) Ubicación respecto al territorio continental de Costa Rica. B) Ubicación geográfica, principales coberturas forestales y sitios de muestreo. PPM: Parcela Permanente de Muestreo; Ex: cobertura arbustiva. ....5
- Figura 2. Curva de rarefacción para las secuencias obtenidas en las muestras analizadas: A. Bacterias, basada en el gen que codifica para el ARNr 16S, B. Hongos, basada en el espaciador transcrito interno 2 (ITS-2). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021..... 12
- Figura 3. Principales filos del microbioma del suelo, según abundancias relativas de secuencias por sitio de muestreo. A: Bacterias. B: Hongos. bn.O: bosque nuboso, horizonte O; bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021. .... 15
- Figura 4. Mapa de calor realizado para los 20 OTUs más abundantes por cobertura y horizonte, utilizando la distancia weighted UniFrac. Rangos de abundancias por quintiles. A: Bacterias. B: Hongos. bn.O: bosque nuboso, horizonte orgánico del suelo; bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021..... 16
- Figura 5. Variación del Índice de Shannon por año. A: diversidad de bacterias, B: diversidad de hongos. ANOVA>0,05, límites de confianza  $\alpha=0,05$ . Ex: cobertura arbustiva; bp-P: bosque pluvial premontano; bn.O: bosque nuboso (horizonte O del suelo); bn.A: bosque nuboso (horizonte A del suelo). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021..... 18

Figura 6. Temperatura media anual (línea de puntos) y mensual (línea continua) de los sitios de estudio en los periodos 2016-2019 (Ex) y 2017-2020 (bp-P y bn). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021. .... 18

Figura 7. Escalamiento Multidimensional no métrico (nMDS), incorporando parámetros ambientales y elipses para los límites de confianza al 95%, para las cuatro comunidades bacterianas analizadas. A: Distancia Bray-Curtis ( $Stress=0,0388$ ); B: Distancia *weighted* UniFrac ( $Stress=0,0685$ ). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021. .... 20

Figura 8. Escalamiento Multidimensional no métrico (nMDS), incorporando parámetros ambientales y elipses para los límites de confianza al 95%, para cuatro comunidades de hongos analizadas. A: Distancia Bray-Curtis ( $Stress=0,0867$ ); B: Distancia *weighted* UniFrac ( $Stress=0,0923$ ). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021. .... 21

Figura 9. Disimilitudes porcentuales entre las comunidades de bacterias y hongos de las tres coberturas estudiadas. bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bn.O: bosque nuboso, horizonte orgánico del suelo; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021. .... 23

Figura 10. Principales unidades taxonómicas operativas (OTU) bacterianas, ordenadas según porcentaje de contribución a la disimilitud entre grupos, determinado por el análisis de similitudes porcentuales (SIMPER). bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bn.O: bosque nuboso, horizonte orgánico del suelo; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021. .... 24

Figura 11. Principales unidades taxonómicas operativas (OTU) de hongos, ordenadas según porcentaje de contribución a la disimilitud entre grupos, determinado por el análisis de similitudes porcentuales (SIMPER). bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bn.O: bosque nuboso, horizonte orgánico del suelo; bp-P: bosque pluvial premontano,

horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica,  
2021. ....24

## ÍNDICE DE ANEXOS

|   |    |
|---|----|
| Anexo 1. Clasificación taxonómica de los OTU (Operational Taxonomic Units) determinados en el estudio. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.....   | 52 |
| Anexo 2. Salidas del análisis estadístico en R de los modelos generales lineales simplificados, de la influencia de las variables ambientales en el Índice de Shannon para la comunidad de bacterias. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021..   | 52 |
| Anexo 3. Salidas del análisis estadístico en R de los modelos generales lineales simplificados, de la influencia de las variables ambientales en el Índice de Shannon para la comunidad de hongos. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021. ...   | 53 |
| Anexo 4. Salidas de las pruebas de permutaciones de los Análisis de Correspondencia Canónica (CCA) en R, de la influencia de las variables ambientales en los patrones de la comunidad de bacterias. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021..... | 54 |
| Anexo 5. Salidas de las pruebas de permutaciones de los Análisis de Correspondencia Canónica (CCA) en R, de la influencia de las variables ambientales en los patrones de la comunidad de hongos. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.....    | 55 |
| Anexo 6. Resultados del análisis SIMPER para bacterias. Taxonomía: k-reino, p-filo, c-clase, o-orden, f-familia, g-género, s-especie. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.....  | 56 |
| Anexo 7. Resultados del análisis SIMPER para hongos. Taxonomía: k-reino, p-filo, c-clase, o-orden, f-familia, g-género, s-especie. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.....   | 73 |

# 1. INTRODUCCIÓN

La Isla del Coco es una isla oceánica ubicada en el Pacífico Tropical Este y se erige como la única formación sobre el nivel del mar de la Cordillera Volcánica del Coco; la cual se extiende entre las Islas Galápagos de Ecuador y la Península de Osa en Costa Rica (Lizano, 2012; Rojas y Alvarado, 2012). La Isla del Coco fue declarada Parque Nacional en 1978 y es reconocida mundialmente como un laboratorio natural de gran diversidad. En 1997, la UNESCO la declara Patrimonio Natural de la Humanidad; en 1998, es declarada Humedal de Importancia Internacional dentro de la Convención RAMSAR (Cortés, 2012) y, en 2019, es reconocida como Blue Park por el Marine Conservation Institute.

La condición de aislamiento les confiere a las islas oceánicas un ecosistema único y complejo (Losos & Ricklefs, 2009), lo cual la Isla del Coco refleja en su diversidad y endemismo (Trusty et al., 2006; Cortés, 2012). Sin embargo, en su ecosistema terrestre se han introducido especies de flora y fauna con potencial invasivo que amenazan su conservación (Madriz-Masis, 2009). Este hecho es preocupante ya que la introducción de especies es la principal causa de extinción de especies y alteración de ecosistemas en islas (Townsend et al., 2006; Donlan & Wilcox, 2008).

Estudios han documentado efectos de los mamíferos introducidos (*Felis silvestris catus*, *Rattus rattus* y *R. norvegicus*, *Odocoileus virginianus* y *Sus scrofa*) en la degradación del bosque, por herbivoría de la regeneración de especies arbóreas (Acosta-Vargas et al., 2020; Bonilla-Mata & Acosta-Vargas, 2020), depredación y daño de frutos (Gómez, 2004; Corrales-Retana, 2018), y alteraciones del suelo por escaraduras (Sierra, 2001; Castanedo-Escoto, 2017) con potencial de afectar la composición de la microbiota y los procesos bioquímicos del suelo (Mohr et al. 2005; Parkes et al. 2015). Estas perturbaciones aparentan ser más intensas en el bosque pluvial premontano, especialmente, en los sitios deforestados de las bahías Chatham

y Wafer, mientras que el bosque nuboso se considera un ecosistema menos perturbado (Sierra et al., 2020). Si bien se han registrado estas alteraciones, se desconoce en gran medida su impacto en el ecosistema de la Isla del Coco, ya que existen pocos estudios sobre los procesos ecológicos y de restauración del bosque.

El conocimiento de los efectos causados por los mamíferos introducidos en las interacciones de los microorganismos con los componentes de los bosques es escaso para la Isla del Coco. Investigaciones realizadas en otras islas evidencian que la introducción de fauna afecta la estructura y diversidad del microbioma (Wehr et al., 2019), reportando un aumento específico en bacterias tales como coliformes fecales, *Enterococcus* y *Leptospira*. Además, estudios similares reportan el incremento en la disponibilidad de nutrientes como el nitrógeno, asociados a las excretas (Bovino-Agostini, 2011; Dunkell et al., 2011; Wirthner et al., 2011).

Lo anterior sugiere que la microbiota del suelo puede ser un importante indicador de la degradación del sitio y de la restauración para los bosques de la Isla del Coco. Sin embargo, los microorganismos son uno de los grupos menos utilizados para el evaluar el éxito de los proyectos de restauración (Ruiz-Jaen & Mitchell Aide, 2005). Distintos estudios proponen las variables de diversidad, la abundancia y la biomasa microbiana del suelo como indicadores de restauración; sus valores son usualmente mayores en los ecosistemas de referencia y coinciden con la recuperación de procesos ecológicos como el ciclaje de nutrientes e interacciones biológicas (Harris, 2009; Dwivedi & Soni, 2011; Bonner, 2016; Eaton et al., 2017). Además, se ha propuesto promover el crecimiento de microorganismos benéficos a través del manejo y aplicación de enmiendas en el suelo, con la finalidad de acelerar el restablecimiento de la funcionalidad y diversidad del microbioma (Harris, 2009; Fierer, 2017).

La composición y actividad de las poblaciones microbianas en el suelo puede variar por aspectos físicos y químicos propios de cada tipo de suelo y por variables climáticas. Investigaciones recientes han reportado que la temperatura media anual y la elevación



sobre el nivel del mar, correlacionan con cambios en la diversidad de microorganismos (Nottingham et al., 2018; Wehr et al., 2019). De igual forma, la humedad en el suelo ha demostrado ser una importante variable predictora de la biomasa microbiana; lo cual, se ejemplifica con los bosques húmedos tropicales que suelen contener mayor biomasa microbiana (Serna-Chávez et al., 2013). Respecto a las variables químicas del suelo, el pH se reconoce como la principal variable predictora de la composición de comunidades bacterianas mostrando mayor diversidad en suelos neutros (Lauber et al., 2009; Fierer et al., 2017). Asimismo, el contenido de nutrientes o carbono orgánico condiciona la variedad y abundancia de microorganismos del suelo (Serna-Chávez et al., 2013; Fanin et al., 2014).

Ante esta situación, surge la necesidad de analizar la estructura y composición del microbioma de los suelos de la Isla del Coco y establecer comparaciones entre el bosque pluvial premontano, el bosque nuboso y los sitios degradados por deforestación, incluyendo su relación con la temperatura media anual, la altitud, la textura y las variables químicas de suelo.

## **1.1. Objetivos**

### 1.1.1. Objetivo general

Analizar el microbioma del suelo en tres coberturas vegetales de la Isla del Coco y la influencia de la temperatura media anual, la altitud, la textura y las variables químicas de suelo.

### 1.1.2. Objetivos específicos

- a) Determinar la composición taxonómica y diversidad del microbioma del suelo en tres coberturas vegetales de la Isla del Coco.
- b) Analizar el efecto de la temperatura media anual, la altitud, la textura y las variables químicas del suelo sobre la estructura y composición del microbioma.

## 2. METODOLOGÍA

### 2.1. Sitio de estudio

El Parque Nacional Isla del Coco (PNIC), incluye la Isla del Coco, sus islotes y la porción marina correspondiente a un radio de 12 millas náuticas (22,22 km) a su alrededor, abarcando una extensión terrestre de 23,30 km<sup>2</sup> y un área marina protegida de 2 011 km<sup>2</sup> (SINAC, 2016). El PNIC se ubica en el Pacífico Tropical Este, a 500 km suroeste de la costa Pacífica de Costa Rica, en las coordenadas 5°30' -5°34' N y 87°01' -87°06' W (Cortés, 2008; Protti et al., 2012; Figura 1).

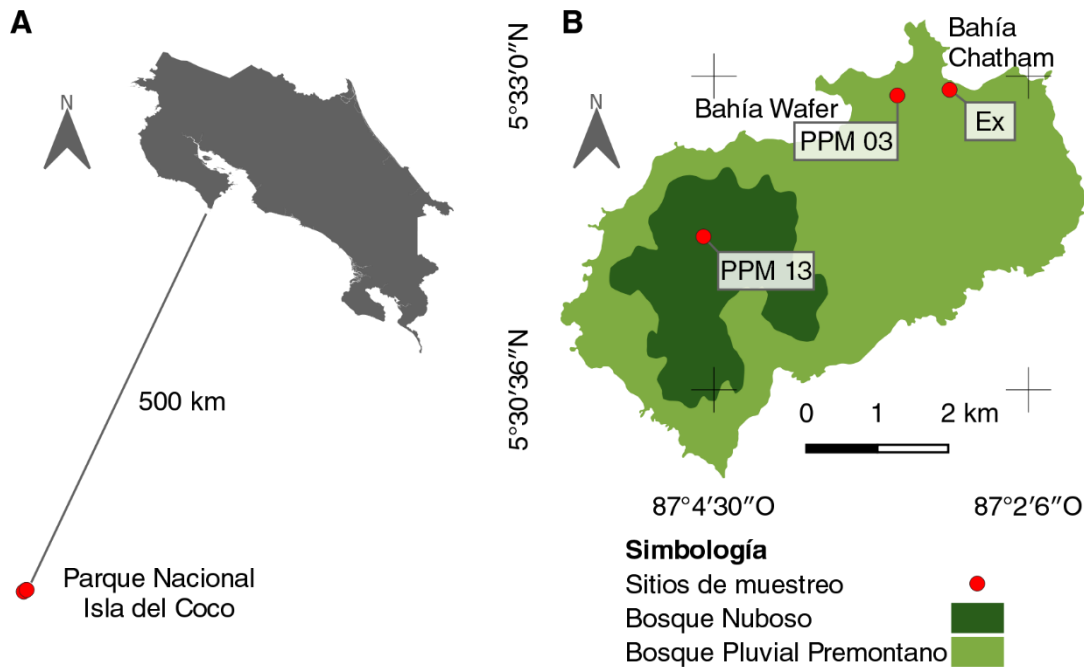


Figura 1. Ubicación del Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica. A) Ubicación respecto al territorio continental de Costa Rica. B) Ubicación geográfica, principales coberturas forestales y sitios de muestreo. PPM: Parcela Permanente de Muestreo; Ex: cobertura arbustiva.

La Isla del Coco presenta un clima húmedo tropical y se encuentra en la Zona de Convergencia Intertropical que influye directamente en sus condiciones y variaciones climáticas (Alfaro, 2008; Alfaro & Hidalgo, 2016). Presenta precipitaciones de hasta 7000 mm anuales, con un 72-75% de la precipitación acumulada anualmente entre los meses de abril y octubre y sin época seca definida (Alfaro, 2008); la temperatura superficial del aire es cercana a los 25°C (Alfaro & Hidalgo, 2016).

El presente estudio se realizó en tres diferentes coberturas vegetales, en los dos tipos de bosque de la Isla del Coco. [1] El bosque pluvial premontano (bp-P), se ubica entre los 0 y 300 msnm con una extensión aproximada de 1851,45 ha. El dosel superior alcanza entre 20-25 m de altura y es dominado por el árbol endémico *Sacoglottis holdridgei* (palo de hierro) que se acompaña de las especies *Ocotea insularis* (aguacatillo), *Euterpe precatoria* (palmito mantequilla) y *Clusea rosea* (copey); el sotobosque es ralo, compuesto por *Hypolytrum amplum* (zacatón) y arbustos de la familia Melastomataceae (Bonilla-Mata & Acosta-Vargas, 2020). [2] La cobertura arbustiva (Ex), homogénea de 1,5 m de altura, dominada por el arbusto *Clidemia strigillosa* (lengua de vaca), la liana *Entada gigas* (corazón de mar) y el pasto *H. amplum* (Acosta-Vargas et al., 2020). Esta zona representa un área degradada de 10 ha aproximadamente dentro del bp-P en la ladera noreste de la Bahía Chatham, la cual fue deforestada en 1881 para establecer una colonia penal y, posteriormente, fue abandonada (Montoya, 2016). [3] El bosque nuboso (bn), se encuentra entre los 300 y 630 msnm, con una extensión aproximada de 468,58 ha. Presenta un sotobosque dominado por el helecho arborescente endémico *Cyathea alfonsiana*, especie esciófita que se ve favorecida por el dosel formado mayormente por *S. holdridgei*, el cual puede alcanzar hasta 24 m de altura (Porrás-Jiménez, 2012; Porrás-Jiménez et al., 2014).

## **2.2. Determinación de temperatura media anual**

Los datos para determinar la temperatura promedio anual para cada una de las tres coberturas se recopilaron en un periodo de tres años utilizando sensores iButton

Hygrochron (modelo DS 1923), con lecturas programadas a un intervalo de cada dos horas. Para el área deforestada se registraron 12 118 datos de octubre 2016 a julio 2019 y para el bp-P y bn de marzo 2017 a marzo 2020 se registraron 12 919 y 12 498, respectivamente. Los sensores se ubicaron en el ensayo experimental de restauración a 150 msnm (Acosta-Vargas et al, 2020) y en las Parcelas Permanentes de Muestreo (PPM) *Gygis alba* (PPM 03) a 250 msnm y Las Lanás (PPM 13), a 520 msnm (Porrás-Jiménez, 2012; Figura 1). Las estaciones fueron instaladas por el proyecto de investigación *Influencia de la interacción planta-microorganismo en la restauración del paisaje forestal del Parque Nacional Isla del Coco*, coordinado por Luis Guillermo Acosta Vargas.

### **2.3. Muestreo de suelos para análisis químicos y de la textura del suelo**

En el año 2016 se efectuó el muestreo de suelos en cada una de las coberturas para determinar la fertilidad, el pH y la textura. Para cada cobertura se recolectaron cuatro muestras compuestas de 1 kg a una profundidad de 0-20 cm, utilizando un barreno para muestreo de suelos. Posteriormente se dejaron secar al aire hasta su traslado al Centro de Investigaciones Agronómicas (CIA) de la Universidad de Costa Rica (UCR); donde se les realizó el análisis químico completo por el método KCI-OLSEN (Olsen, 1954). De este análisis se obtuvo la acidez y los contenidos de calcio, magnesio, potasio, fósforo, cobre, hierro, zinc, manganeso, carbono, nitrógeno y aluminio intercambiable. Además, se determinó la textura por medio del método de Bouyoucos (Bouyoucos, 1962).

### **2.4. Muestreo de suelos para el análisis de microbioma y secuenciación**

Se recolectaron cuatro muestras del horizonte A (0-10 cm de profundidad) por cada cobertura, tomadas junto a las muestras recolectadas para el análisis químico y de textura del suelo, para asegurar la mayor asociación e influencia de dichas variables con la microbiota. Además, se tomaron cuatro muestras del horizonte O para el bosque

nuboso, este horizonte solo está desarrollado en este bosque, tiene un espesor aproximado de 5 cm y está conformado por una matriz de partículas de hojarasca en descomposición y raíces finas. Cada muestra se conformó por cuatro submuestras colectadas con una palita de acero inoxidable que fueron mezcladas para formar una muestra compuesta. Las muestras se colocaron en tubos cónicos de 50 ml estériles, se manipularon siguiendo técnicas asépticas para evitar la contaminación de la muestra y se codificaron para su trazabilidad.

Posteriormente, las muestras se trasladaron a las instalaciones del PNIC en Bahía Wafer, donde se colocaron en un congelador a  $-20^{\circ}\text{C}$ . Para su traslado al barco, las muestras se transportaron en una hielera con abundante hielo en el menor tiempo posible (<30 min); en el barco fueron colocadas en un congelador a  $-20^{\circ}\text{C}$ . Finalmente, las muestras se transportaron en una hielera con hielo seco desde el muelle en Puntarenas hasta el Centro de Investigación en Estructuras Microscópicas (CIEMIC) de la UCR en San Pedro de Montes de Oca, donde se mantuvieron a  $-80^{\circ}\text{C}$  hasta el momento de su extracción.

La extracción de ADN genómico del suelo se realizó en el Laboratorio de Biología Molecular del CIEMIC. Se tomó una submuestra de entre 0,25 g siguiendo el protocolo estándar del KIT comercial PowerSoil DNA Isolation Kit de MOBIO. Como controles de calidad se aplicaron medidas espectrofotométricas con NanoDrop® 1000, calculando la relación de absorbancia  $A_{260}/A_{280}$  y se obtuvo la concentración en ng/ $\mu\text{L}$ . Posteriormente se realizó una electroforesis en gel de agarosa para determinar la integridad y el tamaño de la molécula de ADN.

El ADN extraído fue secuenciado en el Laboratorio del Dr. Garret Suen, ubicado en el Departamento de Bacteriología de la Universidad de Wisconsin-Madison, utilizando el equipo Illumina MiSeq. Para bacterias se amplificó la región V4 del gen que codifica para el ARNr 16S mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando un par de cebadores bacterianos universales (F-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA; R-

GGACTACHVGGGTWTCTAAT), obteniendo secuencias de 250bp (Kozich et al., 2013). Para el análisis de hongos se amplificó el ADN correspondiente al espaciador transcrito interno 2 del ARNr (ITS-2 por sus siglas en inglés), ubicado entre la región que codifica para el ARNr 5.8S y finalizando en la subunidad larga (LSU por sus siglas en inglés), obteniendo entre 300-500bp (Taylor et al., 2016).

Posteriormente, los archivos *fastq* resultantes de la secuenciación fueron procesados en el software de acceso libre Mothur 1.41.3 (Schloss et al., 2009), en el computador Kabré del Colaboratorio Nacional de Computación Avanzada (CNCA). En primera instancia se traslaparon las dos lecturas de cada secuencia (R1 y R2) producida por medio del script *make.contigs*. A continuación, se removieron las secuencias de baja calidad con el comando *screen.seqs* utilizando los siguientes parámetros: para bacterias, máxima ambigüedad = 0, máximos homopolímeros = 8, máxima longitud = 300; para hongos, máxima ambigüedad = 6, máximos homopolímeros = 12, mínima longitud = 300, máxima longitud = 600. A continuación, se agruparon las secuencias idénticas con el script *unique.seqs* para reducir el esfuerzo computacional subsiguiente. Para bacterias las secuencias se alinearon a la base de datos de referencia de genes ARNr SILVA 16S V132 (Pruesse et al., 2007) con *align.seqs* y se volvió a ejecutar *screen.seqs* para la región de interés (start = 13862, end = 23444). Para hongos, debido a su variabilidad, se saltó este paso de *align.seqs* y se retomó en *precluster*.

Posteriormente, se filtraron las secuencias con *filter.seqs* y se volvieron a agrupar las secuencias idénticas con *unique.seqs*. Luego se agruparon las secuencias similares con *pre.cluster*, utilizando el parámetro *diffs* = 2 para bacterias y para hongos *diffs* = 4 y *align = needleman* para hacer un alineamiento interno de secuencias. Se identificaron las quimeras con *chimera.uchime* y se removieron con *remove.seqs*. Seguidamente se clasificaron las secuencias (*classify.seqs*) utilizando como referencia la base de

datos Silva y se eliminaron (*remove.lineage*) los reinos Archaea y Eukaryota, mitocondrias y secuencias sin clasificar a nivel de reino.

Las secuencias únicas (singletons), se eliminaron usando *split.abund* para minimizar el sesgo debido a errores de secuenciación. Seguidamente, se calcularon las distancias entre secuencias (*dist.seqs* para bacterias y *pairwise.seqs* para hongos) para luego agruparlas con *cluster.split* (*method = opti*, *cutoff = 0.03* para bacterias y *method = average*, *cutoff = 0.05* para hongos) en unidades taxonómicas operativas (OTU). La taxonomía fue asignada a los OTU con *classify.seqs* y *classify.otu* utilizando la base de datos GreenGenes con la versión de agosto de 2013 (DeSantis et al., 2006) para bacterias y UNITEv6 (Abarenkov et al., 2010) para hongos. Se utilizó el script *rarefaction.single* para visualizar la diversidad capturada por las secuencias, luego se descartó una muestra del horizonte orgánico que no secuenció correctamente (8 secuencias) y se normalizaron los datos con *sub.sample* al número de secuencias de la muestra más pequeña: 11144 secuencias para bacterias y a 4537 para hongos. Por último, con *summary.single* se calculó la cobertura muestral (Good, 1953), el número de secuencias y el índice de Shannon (Shannon y Weaver, 1949). Para el análisis de datos se eliminaron los OTUs con ocurrencia <10 en todas las muestras.

## 2.5. Análisis estadístico

El análisis del microbioma se realizó en el software R v4.0.0 en RStudio v1.2.1335 (R Core Team, 2013). Primeramente, se construyó la tabla de metadatos con información de los tres sitios por estudiar conteniendo cobertura, el horizonte, la elevación (msnm), temperatura media anual (°C), textura del suelo (%) y variables químicas del suelo (cmol(+)/L, mg/L y %). Para determinar la normalidad de los datos se aplicó la prueba de Shapiro-Wilk (Shapiro & Wilk, 1965) y para la homocedasticidad la prueba de Levene (Levene, 1960). Con los datos paramétricos se utilizó un ANOVA y la prueba de Tukey, mientras que para los no paramétricos se aplicó la prueba de Kruskal-Wallis y la prueba de rangos con signo de Wilcoxon (Ríus et al., 2000).



Para determinar la abundancia relativa de los principales filos microbianos se utilizó un gráfico de barras apiladas por cobertura y para visualizar las abundancias de los principales filotipos se construyó un gráfico de mapa de calor. Para determinar los vínculos entre las variables ambientales y los patrones de la  $\alpha$ -diversidad se utilizaron modelos generales lineales (GLM) (Hastie & Pregibon, 1992) a un nivel de significancia  $\alpha=0,05$ . En cuanto al análisis de  $\beta$ -diversidad, tanto para bacterias como para hongos se utilizó el análisis de correspondencia canónica (CCA) (Ter Braak, 1986; Legendre & Legendre, 2012). Para llevar a cabo el CCA, se realizó una construcción automática de modelo, mediante una selección de avance de dos pasos basado en el nivel de significancia alfa habitual ( $\alpha$ ) y el coeficiente ajustado de determinación múltiple ( $R_a^2$ ) por pruebas de permutación (Blanchet et al., 2008).

Para representar las disimilitudes entre los grupos, se elaboró un Escalamiento Multidimensional no Métrico (nMDS) (Kruskal, 1964a; Kruskal, 1964b), donde se incorporaron los factores ambientales como vectores para visualizar sus direcciones respecto a las muestras; las variables fisicoquímicas representan asocio únicamente con las muestras de suelo orgánico (Ex, bp-P, bn.A). Los datos fueron previamente sometidos a la doble estandarización de Wisconsin (Legendre & Gallagher, 2001). Como parámetro de visualización para valores de  $Stress < 0,2$  se utilizan gráficas en dos dimensiones (Clarke, 1993).

Para determinar las diferencias entre los agrupamientos se realizó el Análisis de Varianza Multivariado no Paramétrico (PERMANOVA; Anderson, 2001) y Análisis de Similitud (ANOSIM) entre los grupos; donde valores de R cercanos a 1 significan disimilitud entre grupos. Además, se corrió el Análisis de Porcentajes de Similitud (SIMPER), para determinar los filotipos que explican la diferencia entre los grupos (Clarke, 1993). En todos los casos se utilizaron las distancias de similitud Bray-Curtis (Bray & Curtis, 1957) para datos de abundancia y *weighted* UniFrac, que toma en cuenta información filogenética (Hamady et al., 2010), con 9999 permutaciones.

### 3. RESULTADOS

#### 3.1. Análisis de secuenciación de la comunidad de bacterias y hongos

El análisis de los tres sitios generó para bacterias 432 737 secuencias y 13 290 secuencias únicas, las cuales se agruparon en 5 107 OTUs (Operational Taxonomic Units) al 97% de similitud entre secuencias. Para hongos, se obtuvieron 106 463 secuencias y 1 733 secuencias únicas, las cuales se agruparon en 1 006 OTUs al 95% de similitud entre secuencias. Luego de la limpieza de secuencias para la comunidad de bacterias y hongos se obtuvieron respectivamente 4 217 y 984 OTUs.

Con la metodología empleada se logró capturar en buena medida la diversidad del microbioma de los sitios según la curva de rarefacción (Figura 2) y la cobertura muestral >0,95 obtenida en todas las muestras. Para ambos grupos los OTUs fueron identificados a diferentes niveles taxonómicos (Anexo 1). Para bacterias solo 625 OTUs contienen 10 o más secuencias en, al menos, una muestra, mientras que para hongos 401 OTUs cumplen dicho criterio, únicamente estos OTUs fueron utilizados en los análisis posteriores.

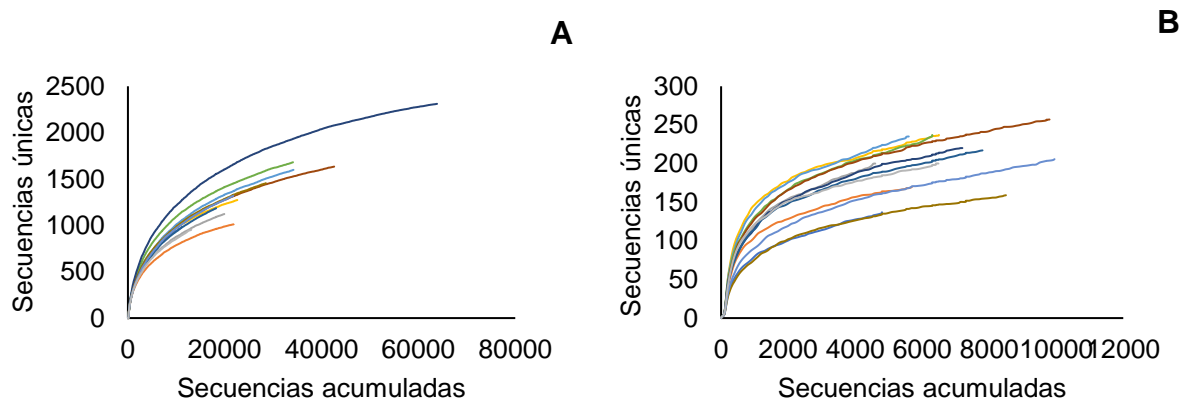


Figura 2. Curva de rarefacción para las secuencias obtenidas en las muestras analizadas: A. Bacterias, basada en el gen que codifica para el ARNr 16S, B. Hongos,

basada en el espaciador transcrito interno 2 (ITS-2). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

### **3.2. Principales taxones del microbioma**

El estudio permitió determinar los principales filos de bacterias y hongos en los suelos analizados del PNIC, los cuales abarcan el 88,58 % y 98,82 %, respectivamente, del total de secuencias (Figura 3). Para bacterias, el filo Acidobacteria presentó la mayor abundancia relativa de secuencias (39,06 %), y mostró una tendencia de incremento en las abundancias relativas de las secuencias de las comunidades conforme aumenta la altitud (bn.A: 46,55 %; bp-P: 39,18 %; Ex: 32,65 %). Además, se observó una abundancia relativa de 37,86 % en horizonte orgánico del bosque nuboso, semejante a la encontrada en el horizonte A del bosque pluvial premontano (39,18 %). Proteobacteria fue el segundo filo bacteriano más abundante (31,41 %) y, al contrario de Acidobacteria, las abundancias relativas de las secuencias en los horizontes A tienden a ser mayores en coberturas de menor altitud (bn.A: 27,13 %; bp-P: 29,76 %; Ex: 35,59 %). Por otro lado, Planctomycetes se encontró como el tercer filo más abundante, conformado por el 9,08 % de las secuencias bacterianas; mientras que los demás filos estuvieron compuestos por menos del 5 % (Figura 3A).

Para hongos, el 24,19 % de todas las secuencias fueron asignadas solamente a nivel de reino, las cuales presentaron mayor proporción en los horizontes del bosque nuboso (bn.A: 31,79 %; bn.O: 38,67 %). El filo Ascomycota, representó la mayor abundancia relativa de secuencias de hongos (39,02 %) y explicó la mayor fracción de secuencias presentes en los horizontes A del bosque pluvial premontano (51,32 %) y de la cobertura arbustiva (56,83 %). En contraste, este filo solo explicó el 16,43 % de secuencias encontradas en el horizonte O del bosque nuboso. Basidiomycetes se presentó como el segundo filo con mayor abundancia relativa (30,18 %), explicando la mayor proporción de secuencias del horizonte orgánico del bosque nuboso (43,55 %); además, se observó un patrón donde los horizontes A de las coberturas presentan

mayor abundancia relativa de secuencias asignadas a este filo, conforme aumenta la altitud (bn.A: 34,57 %; bp-P: 23,68 %; Ex: 18,92 %). Los demás filios de hongos encontrados representaron abundancias relativas de secuencias menores a 3 % (Figura 3B).

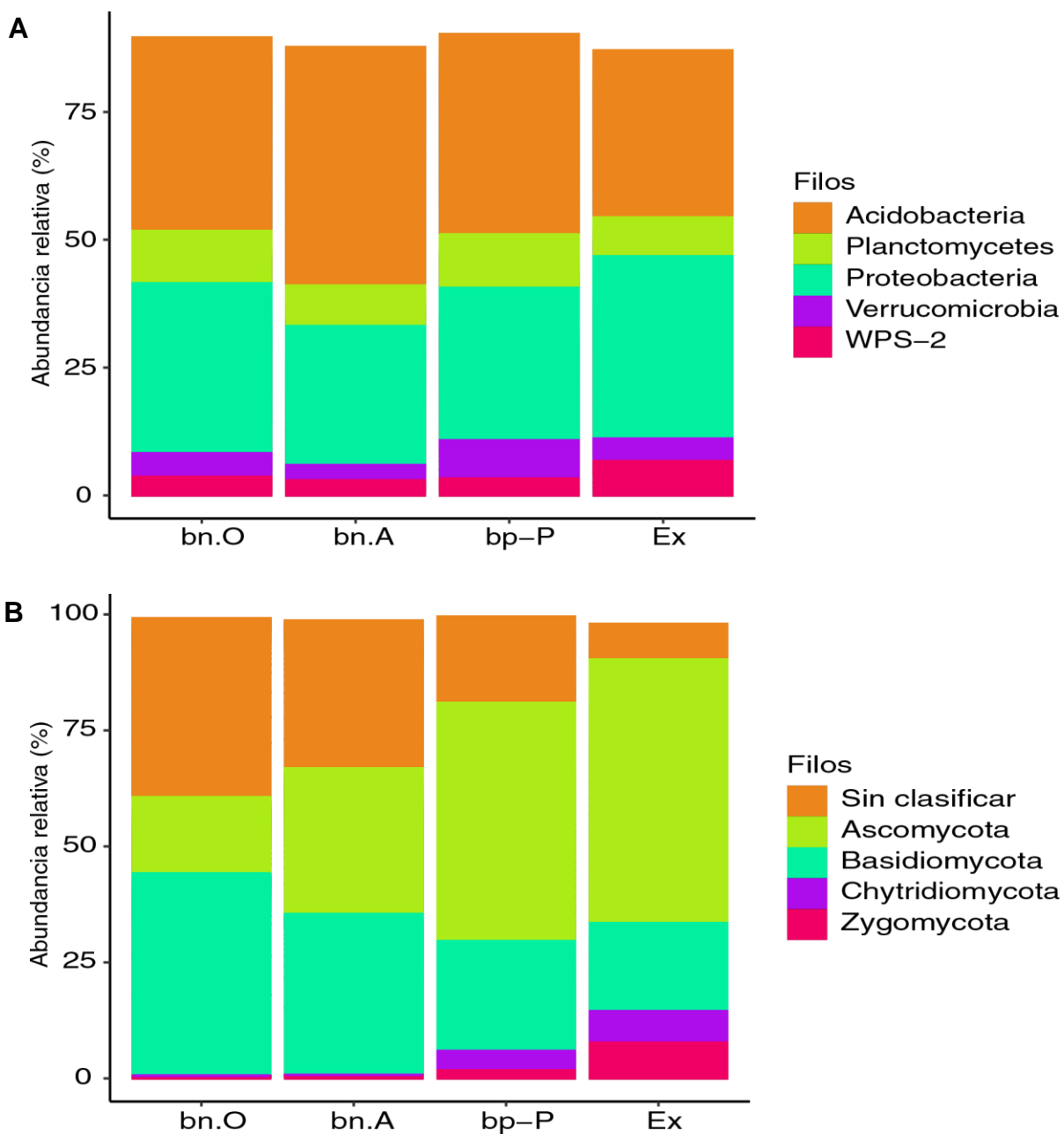


Figura 3. Principales filos del microbioma del suelo, según abundancias relativas de secuencias por sitio de muestreo. A: Bacterias. B: Hongos. bn.O: bosque nuboso, horizonte O; bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

El análisis por abundancias de OTUs mostró para bacterias (Figura 4A) diferencias entre las muestras tomadas. En el horizonte orgánico del bosque nuboso (bn.O) los OTUs encontrados con mayores abundancias corresponden a *Rhodoplanes* sp 1, Koribacteraceae 1, Acidobacteria 1, Rhodospirillaceae 1 e Isosphaeraceae, este último con alta abundancia solamente en este horizonte. Para el horizonte A del bosque nuboso (bn.A), los OTUs más abundantes correspondieron a Acidobacteria 1, Rhodospirillaceae 1, Acidobacteria 2, *Candidatus Solibacter* sp 1, Acidobacteria 3, Koribacteraceae 1 y *Rhodoplanes* sp 1. Asimismo, en el bosque pluvial premontano (bp-P) los OTUs más abundantes son Acidobacteria 1 y Rhodospirillaceae 1; mientras que para la cobertura arbustiva (Ex) son Rhodospirillaceae 1, Acidobacteria 1, *Rhodoplanes* sp 1, *Candidatus Solibacter* sp 2 y Sinobacteraceae.

Además, en los horizontes A estudiados, los OTUs Sinobacteraceae, *Candidatus Solibacter* sp 2, Planctomyces y Syntrophobacteraceae muestran claramente mayor abundancia conforme disminuye la altitud. Por el contrario, *Candidatus Solibacter* sp 1, Acidobacteria 2, Acidobacteria 3 y Rhodospirillaceae 3, presentan mayores abundancias a mayores altitudes.

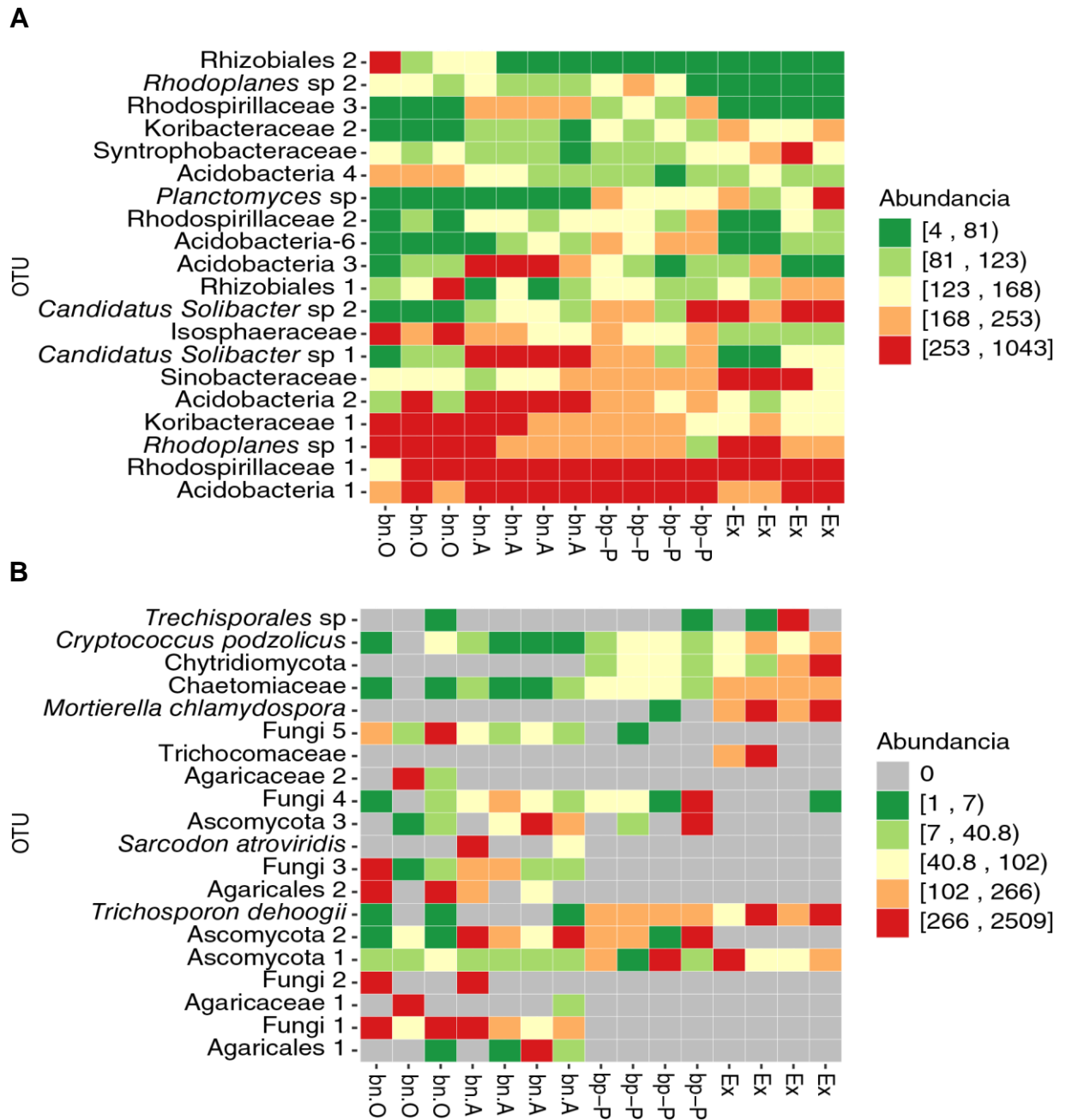


Figura 4. Mapa de calor realizado para los 20 OTUs más abundantes por cobertura y horizonte, utilizando la distancia *weighted* UniFrac. Rangos de abundancias por quintiles. A: Bacterias. B: Hongos. bn.O: bosque nuboso, horizonte orgánico del suelo;

bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

Para la comunidad fúngica (Figura 4B) se observó un patrón de agrupamiento por tipo de bosque, donde los OTUs *Trichosporon dehoogii*, Chaetomiaceae, Chytridiomycota, *Cryptococcus podzolicus* y Ascomycota 1 son propios del bosque premontano y cobertura arbustiva; mientras que *Mortierella chlamydospora* y Trichocomaceae se encuentran, particularmente, limitados a la cobertura de arbustos. Comparativamente, los OTUs Fungi 1, Agaricales 2, Fungi 3, y Fungi 5 son los más representativos del bosque nuboso (bn.O y bn.A) debido a su frecuencia, abundancia y especificidad en esta cobertura; además, junto a Agaricales 1, Agaricaceae 1, Fungi 2, *Sarcodon atroviridis*, Agaricaceae 2 son OTUs específicos del bosque nuboso. Únicamente Ascomycota 1 se pudo encontrar en todas las muestras tomadas.

### 3.3. Diversidad alfa

El índice de diversidad de Shannon para la comunidad bacteriana tomó valores entre 4,81 y 5,16 (Figura 5A), los datos se distribuyeron normalmente (Shapiro-Wilk=0,1191) y su varianza es homogénea en función a los estratos (Levene=0,2079). Para la comunidad de hongos, Shannon tomó valores entre 1,97 y 4,10 (Figura 5B), los datos presentan distribución normal (Shapiro-Wilk=0,05996) y su varianza es homogénea para los sitios (Levene=0,3752).

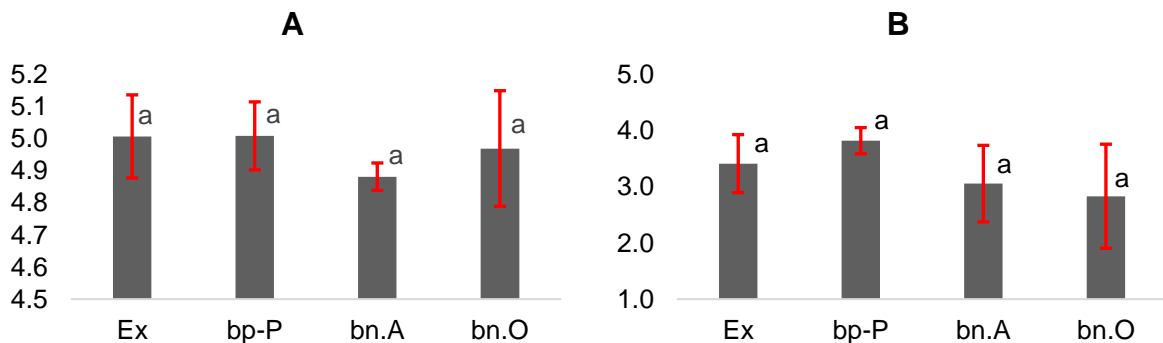


Figura 5. Variación del Índice de Shannon por año. A: diversidad de bacterias, B: diversidad de hongos. ANOVA>0,05, límites de confianza  $\alpha=0,05$ . Ex: cobertura arbustiva; bp-P: bosque pluvial premontano; bn.O: bosque nuboso (horizonte O del suelo); bn.A: bosque nuboso (horizonte A del suelo). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

### 3.4. Influencia de las variables ambientales en el microbioma

**Influencia sobre la alfa diversidad:** La temperatura media anual presenta valores no normales (Shapiro-Wilk<0,05) y su varianza respecto a los sitios no es homogénea (Levene< $2,2 \times 10^{-16}$ ). La prueba no paramétrica de Kruskal-Wallis ( $p < 2,2 \times 10^{-16}$ ) determinó diferencias significativas entre estos (Figura 6, Cuadro 1); sin embargo, el modelo general lineal (GLM) no determina que esta variable influya en el índice de Shannon ( $p > 0,05$ ).

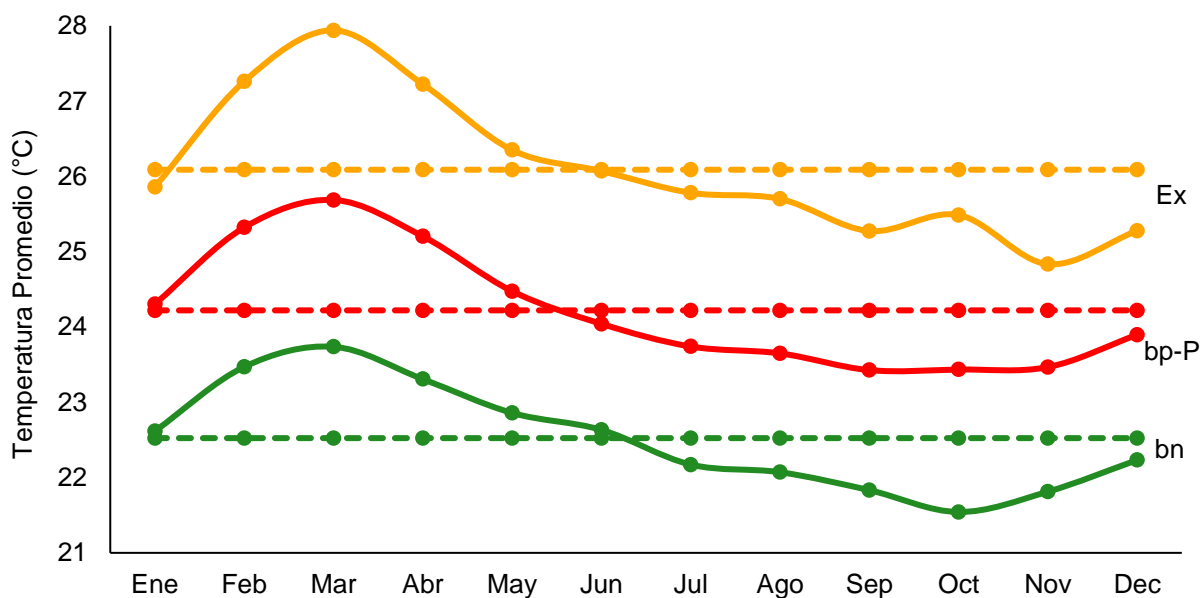


Figura 6. Temperatura media anual (línea de puntos) y mensual (línea continua) de los sitios de estudio en los periodos 2016-2019 (Ex) y 2017-2020 (bp-P y bn). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.



Cuadro 1. Muestras tomadas para determinar la temperatura media anual de los sitios de estudio en los periodos 2016-2019 (Ex) y 2017-2020 (bp-P y bn). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| Sitio                     | T (°C) | N      | Significancia |
|---------------------------|--------|--------|---------------|
| Cobertura arbustiva       | 26,12  | 12 118 | a             |
| Bosque pluvial premontano | 24,20  | 12 919 | b             |
| Bosque nuboso             | 22,50  | 12 498 | c             |

Al realizar los modelos lineales generales (GLM) utilizando el índice de Shannon, se determinó para bacterias que las variables químicas y la textura del suelo (Cuadro 2) influyentes sobre la diversidad son el potasio ( $p=0,00194$ ), el calcio ( $p=0,0157$ ), la relación C/N ( $p=0,0247$ ), el manganeso ( $p=0,0388$ ) y el nitrógeno ( $p=0,0486$ ; Anexo 2). Para hongos, la arcilla ( $p=0,09822$ ) fue la única influyente a un nivel de significancia de  $\alpha=0,1$  (Anexo 3).

Cuadro 2. Medias de las variables químicas y la textura del suelo por cobertura: arbustos (Ex), bosque pluvial premontano (bp-P) y bosque nuboso (bn). Errores representan desviación estándar. Letras diferentes indican diferencias estadísticamente significativas ( $p>0,05$ ). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| Variables            | Ex           |   | bp-P         |   | bn           |   |
|----------------------|--------------|---|--------------|---|--------------|---|
| Arena (%)            | 50,5 ± 5,26  | a | 35,0 ± 1,63  | b | 55,5 ± 6,56  | a |
| Limo (%)             | 14,5 ± 3,32  | a | 14,0 ± 3,37  | a | 16,5 ± 3,11  | a |
| Arcilla (%)          | 35,00 ± 4,08 | a | 51,00 ± 4,24 | b | 27,75 ± 5,48 | a |
| pH                   | 4,22 ± 0,05  | a | 4,70 ± 0,22  | b | 4,95 ± 0,17  | b |
| Carbono (%)          | 5,18 ± 0,28  | a | 3,84 ± 0,56  | b | 4,07 ± 0,61  | b |
| Nitrógeno (%)        | 0,44 ± 0,05  | a | 0,30 ± 0,07  | b | 0,21 ± 0,03  | b |
| Relación CN          | 11,92 ± 1,28 | a | 13,20 ± 2,14 | a | 19,65 ± 1,12 | b |
| Acidez (cmol(+)/L)   | 3,03 ± 0,14  | a | 3,24 ± 1,71  | a | 1,84 ± 0,95  | a |
| Aluminio (cmol(+)/L) | 1,48 ± 0,77  | a | 2,35 ± 1,10  | a | 2,30 ± 0,20  | a |
| Calcio (cmol(+)/L)   | 0,20 ± 0,03  | a | 0,21 ± 0,03  | a | 0,14 ± 0,01  | b |
| Magnesio (cmol(+)/L) | 0,18 ± 0,01  | a | 0,36 ± 0,03  | b | 0,36 ± 0,08  | b |

|                     |                |   |                |   |                |   |
|---------------------|----------------|---|----------------|---|----------------|---|
| Potasio (cmol(+)/L) | 0,26 ± 0,05    | a | 0,22 ± 0,04    | a | 0,13 ± 0,02    | b |
| CICE (cmol(+)/L)    | 3,68 ± 0,17    | a | 4,02 ± 1,72    | a | 2,47 ± 1,04    | a |
| SA (%)              | 82,40 ± 1,41   | a | 78,05 ± 7,24   | a | 72,40 ± 6,55   | a |
| Fósforo (mg/L)      | 9,33 ± 0,58    | a | 6,00 ± 2,16    | a | 4,75 ± 0,96    | a |
| Zinc (mg/L)         | 1,42 ± 0,35    | a | 1,62 ± 0,74    | a | 1,15 ± 0,40    | a |
| Hierro (mg/L)       | 475,25 ± 74,66 | a | 495,50 ± 19,12 | a | 479,25 ± 46,07 | a |
| Manganeso (mg/L)    | 11,25 ± 5,38   | a | 5,75 ± 2,22    | a | 2,75 ± 0,96    | b |

**La beta diversidad es definida por las variables ambientales:** Los resultados del CCA indican para bacterias, que las variables ambientales que influyen en los patrones de las comunidades de microorganismos de los tres sitios ( $p < 0,05$ ) son la elevación, la temperatura media anual, el pH, el carbono, el nitrógeno, la relación C/N, el calcio, el magnesio, el potasio, el fósforo y el manganeso (Anexo 4). Sin embargo, la elevación ( $p = 0,001$ ), la temperatura ( $p = 0,001$ ) y el manganeso ( $p = 0,016$ ) son las que mejor explican estas variaciones, con una proporción de 59 % ( $p = 0,001$ ;  $R^2$  ajustado = 0,44) (Figura 7).

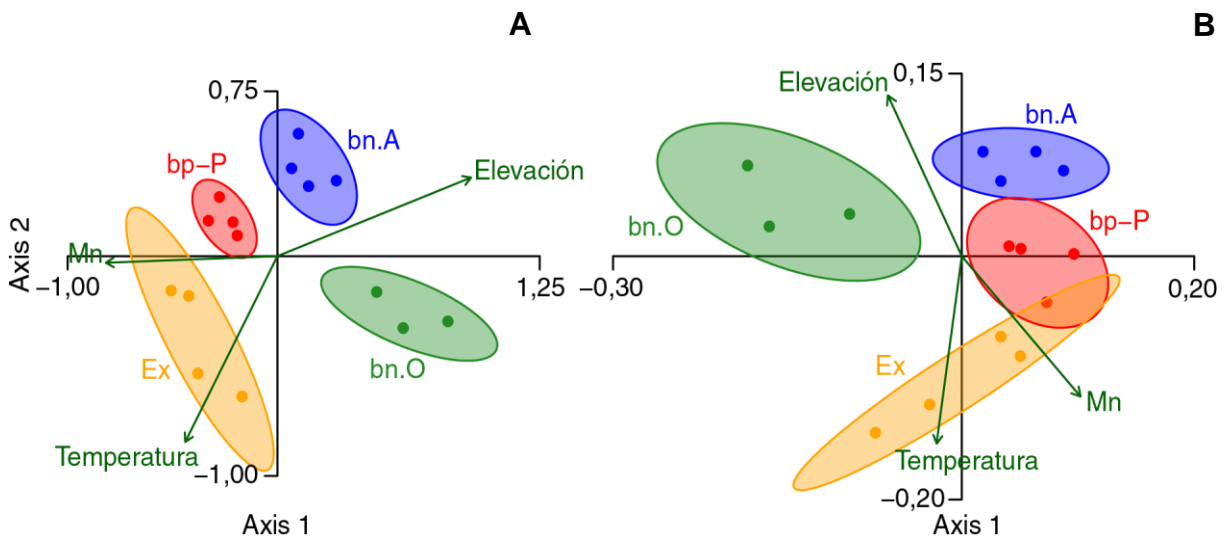


Figura 7. Escalamiento Multidimensional no métrico (nMDS), incorporando parámetros ambientales y elipses para los límites de confianza al 95%, para las cuatro comunidades bacterianas analizadas. A: Distancia Bray-Curtis ( $Stress=0,0388$ ); B:

Distancia *weighted* UniFrac (*Stress*=0,0685). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

Para hongos, la elevación, la temperatura media anual, el pH, el carbono, el nitrógeno, la relación C/N, el calcio, el magnesio, el potasio y el manganeso son las variables ambientales estadísticamente significativas ( $p < 0,05$ ) como modelos simples (Anexo 5). Por otro lado, las variables que mejor explican los patrones observados entre la comunidad de hongos como modelo mixto ( $p = 0,001$ ,  $R^2$  ajustado=0,09), son la elevación ( $p = 0,001$ ) y el magnesio ( $p = 0,044$ ); para un total explicado de 25 % entre los ejes (Figura 8).

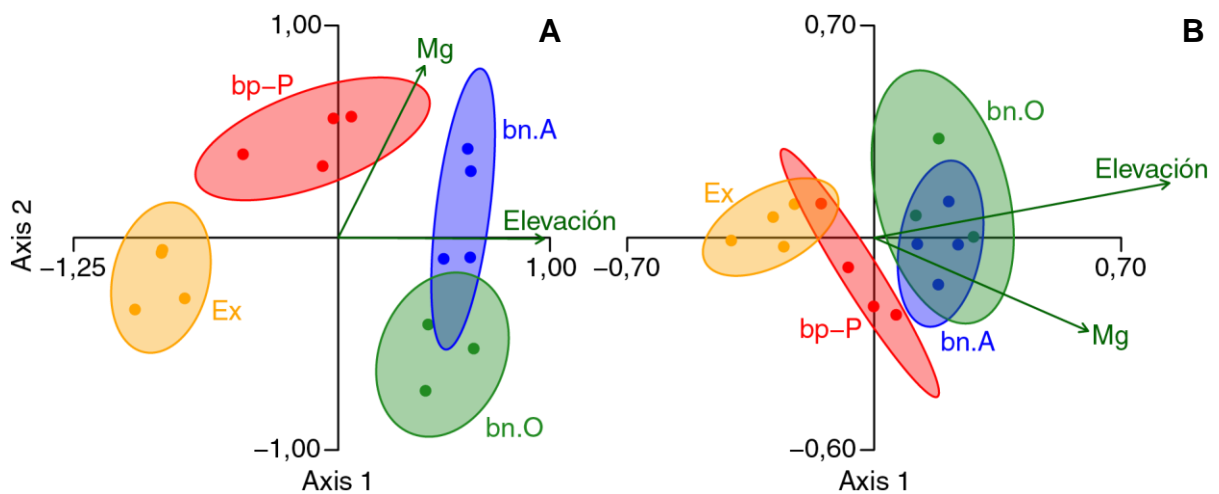


Figura 8. Escalamiento Multidimensional no métrico (nMDS), incorporando parámetros ambientales y elipses para los límites de confianza al 95 %, para cuatro comunidades de hongos analizadas. A: Distancia Bray-Curtis (*Stress*=0,0867); B: Distancia *weighted* UniFrac (*Stress*=0,0923). Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

Los análisis de PERMANOVA y ANOSIM determinaron que hay diferencias significativas en la composición de la comunidad bacteriana entre los tres tipos de coberturas y los horizontes O y A del bosque nuboso (Bray-Curtis:  $p = 0,0001$ , pairwise  $p < 0,05$ ; *weighted* UniFrac:  $p = 0,0001$ , pairwise  $p < 0,05$ ). Para hongos, se determinaron

diferencias estadísticamente significativas entre las tres coberturas (Bray-Curtis:  $p=0,0001$ , pairwise  $p<0,05$ ; *weighted* UniFrac:  $p=0,0001$ , pairwise  $p<0,05$ ); en el caso de las comunidades de los horizontes O y A del bosque nuboso, las diferencias no son estadísticamente significativas (bn.A y bn.O, pairwise  $>0,05$ ).

Al utilizar las distancias Bray-Curtis y *weighted* UniFrac en ANOSIM para las bacterias, se obtuvo un factor de agrupación elevado ( $R=0,9274$ ;  $R=0,9229$ ). Asimismo, para la comunidad de hongos se obtuvo un efecto del factor de agrupación aceptable para la distancia Bray-Curtis y *weighted* UniFrac ( $R=0,8039$ ;  $R=0,7166$ ). Estos efectos del factor de agrupación son consistentes con los análisis nMDS (Figura 7, Figura 8), explicando las diferencias entre los grupos.

Del análisis SIMPER se obtuvo que la disimilitud promedio entre los sitios de estudio es de 46,40 % para bacterias y 90,92 % para hongos (Figura 9). La disimilitud acumulada de la comunidad bacteriana entre coberturas se explica en un 25 % por 15 OTUs (2,4 %), en un 50 % por 62 OTUs (9,92 %) y en un 80 % por 231 OTUs (36,96 %). Para los hongos, la disimilitud acumulada entre los grupos se explica en un 25 % por 8 OTUs (1,99 %), en un 50 % por 29 OTUs (8,23 %) y en un 80% por 111 OTUs (27,68 %). Los OTUS más abundantes explican los mayores cambios dados por debajo del 50% en los sitios de estudio (Figura 10, Figura 11, Anexo 6, Anexo 7).

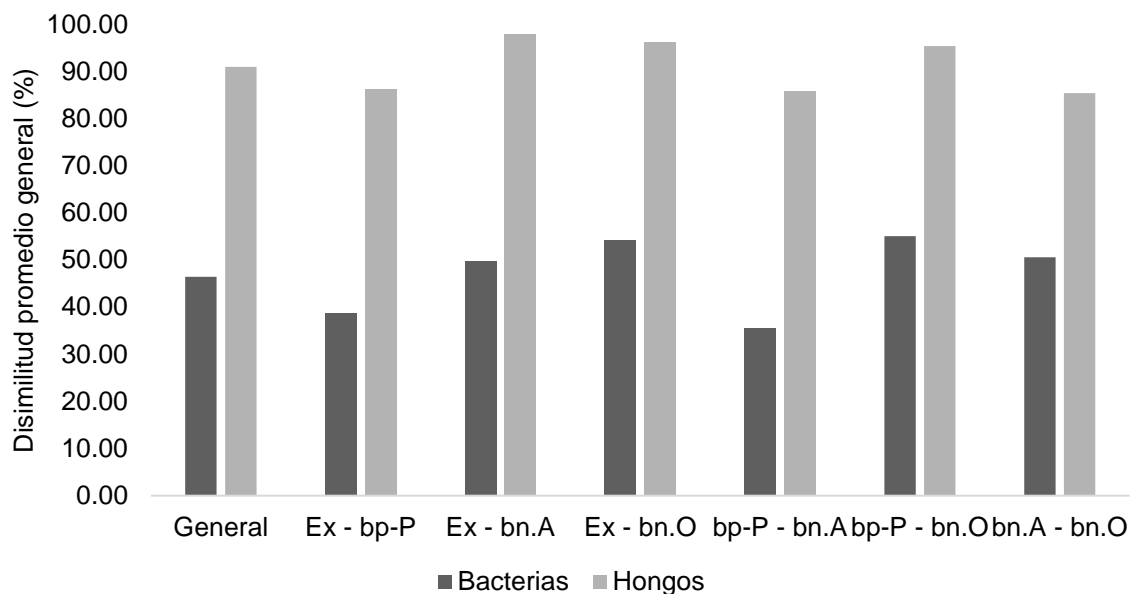


Figura 9. Disimilitudes porcentuales entre las comunidades de bacterias y hongos de las tres coberturas estudiadas. bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bn.O: bosque nuboso, horizonte orgánico del suelo; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

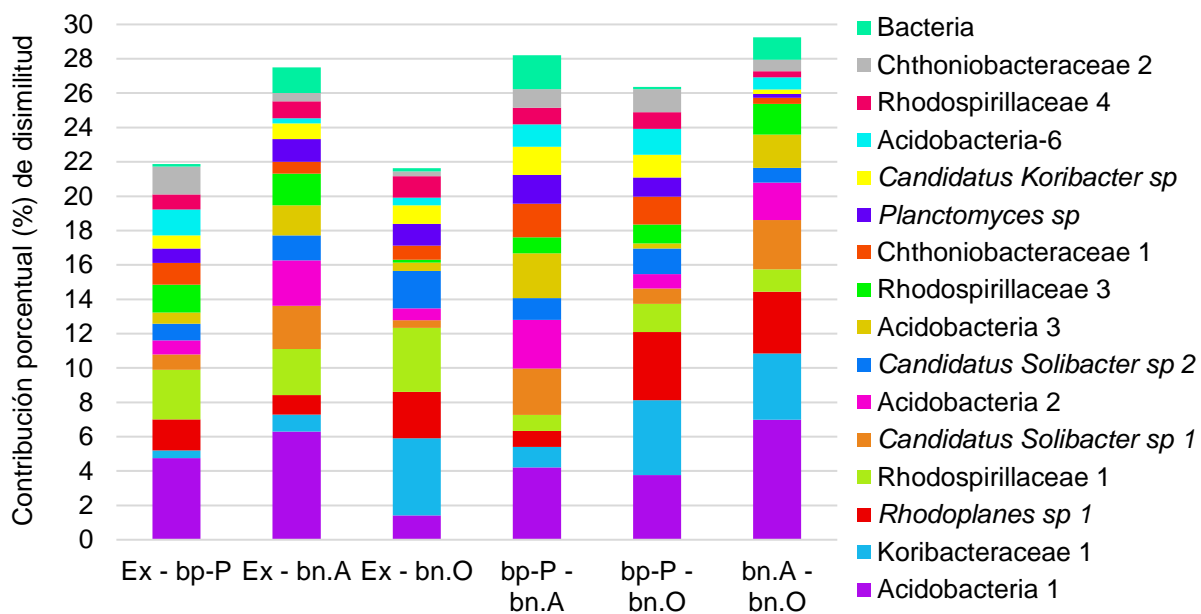


Figura 10. Principales unidades taxonómicas operativas (OTU) bacterianas, ordenadas según porcentaje de contribución a la disimilitud entre grupos, determinado por el análisis de similitudes porcentuales (SIMPER). bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bn.O: bosque nuboso, horizonte orgánico del suelo; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

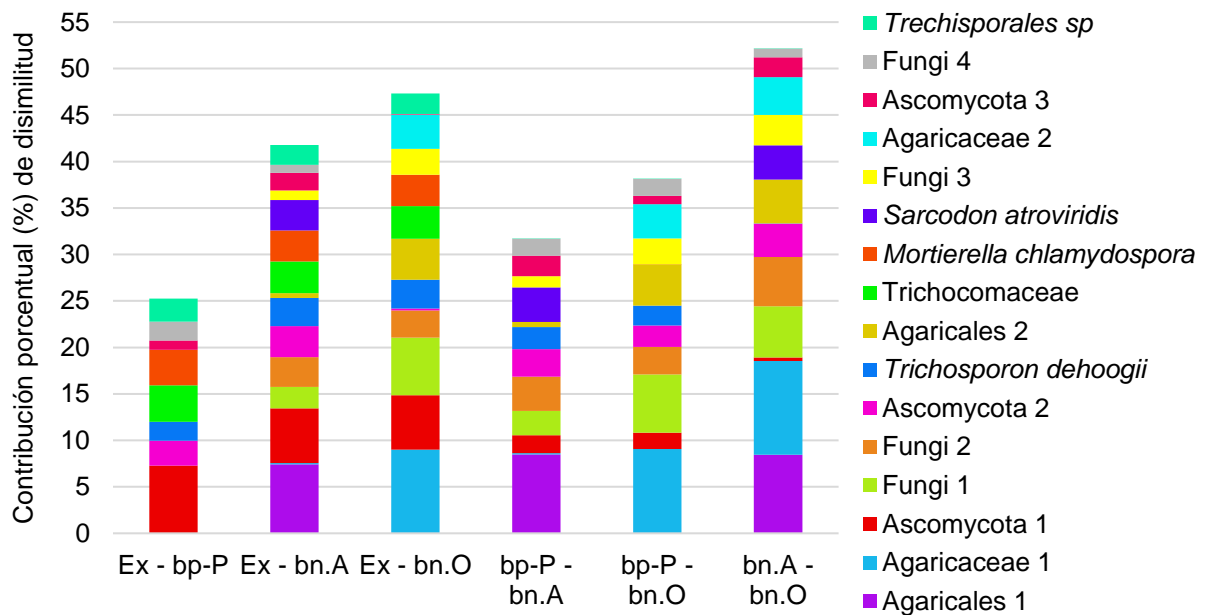


Figura 11. Principales unidades taxonómicas operativas (OTU) de hongos, ordenadas según porcentaje de contribución a la disimilitud entre grupos, determinado por el análisis de similitudes porcentuales (SIMPER). bn.A: bosque nuboso, horizonte A; bn.O: bosque nuboso, horizonte orgánico del suelo; bp-P: bosque pluvial premontano, horizonte A; Ex: arbustos, horizonte A. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

## 4. DISCUSIÓN

El estudio realizado permitió analizar los microbiomas del suelo en tres tipos de cobertura y la influencia de las variables ambientales en ellos, de donde se desprenden dos resultados principales. [1] El microbioma del suelo de la Isla del Coco es diferente entre las tres coberturas analizadas: bosque nuboso, bosque pluvial premontano y área deforestada con cobertura arbustiva y alta presencia de fauna invasora. [2] Las variables ambientales explican la mayoría de las diferencias observadas en la comunidad bacteriana entre las tres coberturas; no así, para la comunidad fúngica.

El microbioma del suelo de la Isla del Coco es diferente entre los sitios de estudio ( $p < 0,05$ ), concordando con la hipótesis inicial. Las diferencias encontradas entre los sitios de estudio se deben a factores bióticos y abióticos que influyen en la composición y abundancia de bacterias y hongos (Figura 7, Figura 8). La elevación es la principal variable predictora de las disimilitudes tanto de bacterias como de hongos del PNIC; lo cual concuerda, en menor escala, con cambios en el microbioma dentro de un gradiente altitudinal reportado por otros autores en ambientes tropicales (Geml et al., 2017; Nottingham et al., 2018). Se conjetura que el efecto de la elevación no es directo en el microbioma, sino que ésta ejerce una influencia en los gradientes de otras variables ambientales tales como la temperatura media anual y la disponibilidad de nutrientes. Además, la altitud podría estar influyendo en la Isla del Coco en otras variables no consideradas en esta investigación como lo son la diversidad de la cobertura vegetal, la calidad de la hojarasca, la humedad relativa, humedad en el suelo, la temperatura del suelo, la precipitación media anual y el distanciamiento espacial entre muestras, las cuales han sido identificadas como factores que afectan la composición y diversidad microbiana en otros sitios (Serna-Chávez et al., 2013; Fanin et al., 2014; Fierer, 2017; Wehr et al., 2019; Li et al., 2020).

La temperatura media anual fue la segunda variable predictora más importante sobre la diversidad microbiana del suelo de la Isla del Coco. Comparativamente, Wehr et al. (2019) encontraron que la estructura de la comunidad bacteriana es sensible a pequeñas diferencias en la temperatura media anual ( $\sim 1,5^{\circ}\text{C}$ ), menores a los  $\sim 3,6^{\circ}\text{C}$  encontrados para PNIC entre las tres coberturas (Figura 6). La influencia de la temperatura sobre el microbioma se puede expresar a través de la disponibilidad de nutrientes, ya que a menor temperatura decrece la descomposición de la materia orgánica y aumentan las limitaciones energéticas, promoviendo el desarrollo de microorganismos específicos (Nottingham et al., 2015). Lo anterior se ve reflejado en el bosque nuboso, cobertura de menor temperatura ( $22,50^{\circ}\text{C}$ ), donde la disponibilidad de nutrientes tiende a ser menor (Cuadro 2) y se presenta mayor abundancia relativa de Acidobacteria (Figura 3A), filo generalmente categorizado como oligotrófico (Nemergut et al., 2010). Mientras que la cobertura arbustiva ( $26,12^{\circ}\text{C}$ ) se encuentra dominada por el filo copiotrófico Proteobacteria (Figura 3A), relativamente más abundante en suelos enriquecidos en carbono (Fierer et al., 2007; Nemergut et al., 2010).

El manganeso en el suelo es el tercer componente que mejor predice la composición de la comunidad bacteriana del suelo del PNIC. Yang et al. (2013), encontraron que la diversidad de la comunidad de bacterias oxidantes de Mn(II) aumenta en respuesta a un enriquecimiento de Mn(II), y un complejo rico en carbono; e identificaron al filo Proteobacteria en los aislamientos de mayor oxidación de Mn(II). Lo cual podría explicar las diferencias en la diversidad y composición microbiana del suelo entre coberturas (Figura 7), ya que, en la cobertura arbustiva se encuentra más enriquecida de Mn y C (Cuadro 2) y presenta la mayor abundancia relativa de proteobacterias (Figura 3A). Este metal actúa en el metabolismo nitrogenado de bacterias a través de la glutamina sintetasa, la cual cataliza la biosíntesis de glutamina mediante la reacción biosintética dependiente de magnesio o manganeso, a partir de glutamato, ATP y amonio (Eisenberg et al., 2000). El amonio se ve expresado a través de la mayor



disponibilidad de nitrógeno encontrado en el suelo de la cobertura arbustiva (Cuadro 2), el cual es enriquecido a través de las deposiciones de cerdos y venados que presentan mayor actividad en este sitio (Sierra et al., 2020). Esta mayor disponibilidad de  $\text{NH}_4^+$  acelera la nitrificación en el suelo, proceso en el que participan gran cantidad de miembros del filo Proteobacteria (Paul, 2015), y beneficia el desarrollo de Planctomycetes anaeróbicos productores de nitrógeno atmosférico

Los principales filos de bacterias encontrados en este estudio (Figura 3A) concuerdan con librerías de ARNr 16S y genes de ARNr 16S, preparadas por una variedad de suelos a nivel global, donde Acidobacteria y Proteobacteria son frecuentemente más abundantes (Janssen, 2006), no así para Planctomycetes que se encuentra en menor proporción. Sin embargo, muchos de los OTUs identificados en este estudio no se lograron identificar a una resolución taxonómica mayor (Anexo 1), debido a que la mayor proporción de microorganismos del suelo se encuentran sin describir (Ramírez et al, 2014) y un gran porcentaje no son asociados a un género conocido (Janssen, 2006).

Acidobacteria es uno de los filos más abundantes y ampliamente distribuidos en diversos ecosistemas (Kielak et al., 2016). La mayoría de los aislamientos de este filo son bacterias aeróbicas heterótrofas y son controladas por el pH del suelo (Janssen, 2006), factor encontrado en este estudio como influyente, pero no como principal predictor de la beta diversidad bacteriana (Figura 7; Anexo 4). Respecto a su ecología, datos genómicos y metagenómicos predicen diversas capacidades para algunos de sus miembros: reducción de nitritos y nitratos, respuesta a macro y micronutrientes del suelo y expresión de transportadores activos (Kielak et al., 2016). En este estudio los OTUs *Candidatus Solibacter* sp 1 y Koribacteraceae 1, ejemplifican la tendencia observada del filo Acidobacteria a presentar mayor abundancia en el horizonte A y horizonte O, respectivamente, del bosque nuboso (Figura 3A, Figura 4A). Por su parte, *Candidatus Solibacter* ha sido encontrado como bacteria desnitrificante (Wu et al.,

2016) y se ha revelado que este género puede contener enzimas capaces de degradar la celulosa, pectina y hemicelulosa (Ward et al., 2009); mientras que para la familia Koribacteraceae se han descrito organismos acidófilos con celulasas, hemicelulasas, liasas de polisacáridos y pectín esterasa favorables para la degradación de materia vegetal (Levy-Booth et al., 2018). La gran abundancia relativa de estos organismos en el bosque nuboso está siendo favorecida por el sustrato donde se desarrollan, debido a una mayor magnitud de hojarasca y materia orgánica en suelo, respecto al bosque pluvial premontano (Castanedo-Escoto, 2017).

Las bacterias del filo Proteobacteria son Gram-negativas y representan la mayoría de las bacterias Gram-negativas conocidas (Berman, 2012). El orden Rhizobiales fue encontrado entre los OTUs más abundantes de la Isla del Coco (Figura 4A), dentro de este orden se pueden encontrar distintos modelos de organismos, incluyendo los patógenos animales *Brucella* y *Bartonella*, el patógeno vegetal *Agrobacterium*, los simbioses de plantas *Sinorhizobium* y *Rhizobium*, y el metabólicamente diverso *Rhodopseudomonas* (Cameron et al., 2015). A una mayor resolución se identificaron OTUs clasificados en el género *Rhodoplanes*, los cuales han sido descritos como fotótrofos facultativos con la capacidad de desnitrificación completa (Hiraishi & Ueda, 1994). Miembros de este género se pueden encontrar habitando la rizosfera en suelos inundados (Srinivas et al., 2014) o asociado a las raíces de plantas de forma endófitas (Santana et al., 2016); interesantemente, para la Isla del Coco fue encontrado con mayor abundancia en el horizonte orgánico del bosque nuboso (Figura 4A), el cual se encuentra cubierto por raíces finas, sugiriendo una estrecha relación con la vegetación.

Para la familia Rhodospirillaceae se ha descrito que su metabolismo y propiedades nutricionales varía de fotoheterótrofos a fotoautótrofos y quimioheterótrofos (Baldani et al., 2014). Sin embargo, algunos de sus miembros pueden cambiar de un modo nutricional a otro dependiendo de la disponibilidad de luz y la concentración de fuentes de oxígeno y de carbono (Díaz-Cárdenas et al., 2010); hecho que puede explicar las

diferencias observadas en las abundancias relativas por sitio de muestreo, para los OTUs asignados a esta familia (Figura 4A). De forma contrastante se encuentra la familia Syntrophobacteraceae, presentando organismos mesófilos o moderadamente termófilos, anaeróbicos estrictos con metabolismo respiratorio o fermentativo (Kuever, 2014) algunos de estos organismos han sido asociados a procesos sintróficos de la metanogénesis y se han encontrado de forma exclusiva en el rumen y colon del alce (*Alces alces*), pariente cercano del venado cola blanca (Ishaq & Wright, 2012). Por otro lado, la familia Sinobacteraceae se describe como organismos aerobios obligados y quimioorganótrofos capaces de hidrolizar urea (Zhou et al., 2008), lo cual permite especular una asociación con la fauna introducida en la Isla del Coco ya que explicaría la gran abundancia de ambas familias en la cobertura arbustiva (Figura 4A), donde la afluencia y actividad de cerdos y venados es mayor (Sierra et al., 2020).

Planctomycetes es el tercer filo de bacterias más abundante en la Isla del Coco y su ecología en los suelos es, en gran medida, desconocida. Estudios en hábitats acuáticos indican funciones metabólicas anaeróbicas ampliamente distribuidas en sus linajes que podrían darse en el suelo de la Isla del Coco. La más conocida es la oxidación anaeróbica del amonio (anammox), atribuida primeramente al género *Planctomyces*, la cual es de suma importancia en el ciclo de nitrógeno ya que libera nitrógeno fijado de vuelta a la atmósfera en forma de nitrógeno molecular (N<sub>2</sub>) (Ward, 2008; Fuerst & Sagulenko, 2011). En la Isla del Coco, *Planctomyces* fue uno de los OTU más abundante en los sitios de menor altitud, específicamente en la cobertura arbustiva (Figura 4A); esta dominancia puede ser explicada por la mayor disponibilidad de nitrógeno en esta cobertura (Cuadro 2) al ser enriquecida por las excretas de la fauna introducida. Contrastantemente, la familia Isosphaeraceae presentó mayor abundancia relativa en el bosque nuboso, especialmente en el horizonte orgánico (Figura 4A), lo cual se explica por sus preferencias metabólicas por polisacáridos de origen vegetal. Estos organismos son comúnmente habitantes de suelos y humedales, quimioorganótrofos aeróbicos, poseen fuerte potencial hidrolítico y degradan xilano,

almidón, pectina, liquenina y laminarina (Dedysh & Ivanova, 2020). Por otro lado, la ubicación y condiciones climáticas de la Isla del Coco son de especial interés, debido a que Planctomycetes es conocido como un filo principalmente acuático (Janssen, 2006) y, al igual que Proteobacteria, es de los filos con mayor representación en el Corredor Marino Isla del Coco-Galápagos (Rojas-Jiménez, 2018). Lo anterior, genera la incógnita de si el aislamiento, alta humedad e interacción entre el mar y la tierra, propias de la Isla del Coco, son condiciones que contribuyen a explicar su alta abundancia y representación en la comunidad bacteriana.

Por su parte, las variables químicas y la textura del suelo estudiadas no logran explicar las diferencias entre las coberturas para la comunidad fúngica. Este resultado concuerda con un estudio realizado en islas subtropicales, donde la heterogeneidad del hábitat no explicó las variaciones encontradas en la beta diversidad de la comunidad de hongos; no obstante, la distancia espacial entre muestras influyó sustancialmente en la beta diversidad de hongos dentro de las islas (Li et al., 2020). Aunado a esto, autores han demostrado que la mayoría de las esporas de hongos se dispersan en cortas distancias, de centímetros a metros, evidenciando que la limitación de dispersión puede influir la comunidad de hongos a una escala de 1 km (Galante et al., 2011; Norros et al., 2012; Li et al., 2020). Además, el hábito filamentoso, común en la mayoría de los hongos habitantes de suelo les permite forzar su camino a través de diferentes sustratos (Paul, 2015). Para la Isla del Coco, este fenómeno podría explicar las disimilitudes de la beta diversidad de hongos entre las coberturas y la similitud encontrada entre el horizonte A y el horizonte orgánico del bosque nuboso (Figura 8).

La filogenia de la comunidad fúngica presenta una alta dominancia de los filos Ascomycota y Basidiomycota respecto a los demás filos; sin embargo, gran cantidad de secuencias se identificaron únicamente a nivel de reino (Figura 3B). Ascomycota es el filo de hongos más rico en especies y representa aproximadamente el 75 % de todas las especies de hongos descritas, por lo que su diversidad y ecología es muy

amplia (Paul, 2015). Los únicos dos OTUs de este linaje clasificados a una mayor resolución taxonómica (Figura 4B: Trichocomaceae y Chaetomiaceae, clase Sordariomycetes), pertenecen al subfilo Pezizomycotina, el cual contabiliza la mayor diversidad filogenética, de especies y funcional dentro de Ascomycota (Paul, 2015). Trichocomaceae alberga organismos de *Aspergillus* y *Penicillium* a los cuales se les atribuye ser benéficos de plantas, patogénicos y micotoxigénicos (Yu et al., 2008); sin embargo, con los resultados obtenidos en el presente estudio no es posible establecer una relación directa que explique su ocurrencia y abundancia en Isla del Coco. Chaetomiaceae se caracteriza por su carácter mesófilo, termotolerante y termofílico; sus miembros mesófilos son categorizados según rangos de temperatura óptima de crecimiento usualmente a partir de los 25°C (Van den Brink et al., 2015), explicando la mayor abundancia de este OTU en la cobertura arbustiva de la Isla del Coco, que posee una temperatura media anual de 26,12 °C (Figura 3B). Además, es común encontrar organismos pertenecientes a Chaetomiaceae en el suelo, la hojarasca, la madera en descomposición y el estiércol (Barbosa et al., 2012, X. Wang, 2018); así mismo, se ha encontrado gran abundancia relativa de esta familia y de la clase Sordariomycetes en abono orgánico, producido a partir de estiércol (Wen et al., 2020).

Los OTUs más abundantes de Basidiomycota (Figura 3B) pertenecen al subfilo Agaricomycotina, grupo de hongos más grande de este linaje (Margulis & Chapman, 2009). Este subfilo incluye el orden Agaricales, también conocidos como hongos con branquias; la mayoría son saprófitos, alimentándose de restos vegetales en suelos y madera podrida, u hongos ectomicorrízicos que absorben azúcares de las raíces de árboles y arbustos (Money, 2016). Esta relación simbiótica entre plantas y hongos aumenta la capacidad de la planta de obtener y minerales desde dentro y fuera de la rizosfera, a través del micelio del hongo que puede extenderse en el suelo circundante y abarcar áreas amplias (Duffy & Cassells, 2003; Margulis & Chapman, 2009). Los hongos micorrízicos y los descomponedores presentan un rango de especialización hacia su sustrato, mostrando preferencias por familias o géneros; no obstante, en

muchos casos las bases genéticas, fisiológicas o ecológicas de esta especialización son inciertas (Paul, 2015). Tal es el caso de la familia de plantas Cyperaceae, comúnmente conocida por no presentar relación con hongos micorrícicos, evento recientemente desmentido al determinarse diversas asociaciones con micorrizas arbusculares; sin embargo, la proporción de ectomicorrizas es mucho menor (Muthukumar et al., 2004). Lo anterior explicaría la gran abundancia y ocurrencia exclusiva de los OTUs identificados como Agaricales y Agaricaceae en ambos horizontes del bosque nuboso (Figura 4B); mientras que, en este sitio, la alta dominancia de *Hypolytrum amplum* (Cyperaceae), condiciones escasas de material en descomposición y la alteración del suelo por escurriduras de los cerdos salvajes (*Sus scrofa*) pueden ser factores que limitan el desarrollo de organismos formadores de ectomicorrizas. Por otro lado, del orden de los Tremellomycetes se obtuvo con alta representatividad el OTU *Trichosporon dehoogii* en la cobertura arbustiva y bosque pluvial premontano (Figura 4B): a este género se le conoce por su capacidad de hidrolizar urea (Colombo et al., 2011) y se ha encontrado una alta abundancia relativa (0,4328) en heces de cerdos salvajes (Soteras et al., 2017); lo que sugiere ser importante indicador de la degradación del sitio producto de la intensa actividad de cerdos y venados en estos sitios (Sierra et al., 2020).

Por otro lado, perteneciente al filo Zygomycota, se encontró con alta abundancia el OTU *Mortierella chlamydospora* casi de forma exclusiva en la cobertura arbustiva (Figura 4B). El género *Mortierella* es un hongo saprófito de crecimiento rápido con preferencia por compuestos lábiles de C, tomando un papel importante en las etapas tempranas de descomposición (Paul, 2015). Además, es un colonizador temprano de raíces con potencial de incrementar la eficiencia del consumo de nutrientes de la planta (Ozimek & Hanaka, 2021). Las especies *M. chlamydospora* y *M. indohii* se han encontrado como endófitos en raíces de plantas, presentando un crecimiento intercelular en las células corticales (Ansel & Young, 1982). Los resultados obtenidos

sugieren que la distribución y abundancia de los hongos de la Isla del Coco puede estar influida por una limitación de la dispersión y por la fauna introducida.

La Isla del Coco es un laboratorio vivo, con condiciones propias para la investigación y donde aún hay mucho por descubrir; los 6 113 OTUs encontrados de hongos y bacterias, su abundancia relativa, diversidad filogenética y presencia diferenciada en el suelo, sugieren procesos ecológicos e interacciones antes desconocidas para las coberturas vegetales de la Isla del Coco. Estos novedosos hallazgos sugieren que microorganismos del suelo miembros de las familias bacterianas Syntrophobacteraceae o Sinobacteraceae, así como de la familia y género de hongos Chaetomiaceae y *Trichosporon*, tienen potencial de ser indicadores de la degradación de los bosques, por alteración de la fauna introducida. Finalmente, esta investigación permite dirigir nuevas interrogantes que relacionen el microbioma del suelo con las principales presiones identificadas que amenazan la composición y estructura de los bosques de la Isla del Coco; estos son mortalidad contrastante con la regeneración y reclutamiento de especies de dosel (Bonilla-Mata & Acosta-Vargas, 2020), el impacto negativo de las especies invasoras principalmente en el bosque pluvial premontano (Madriz-Masís, 2009; Acosta-Vargas et al., 2020) y el potencial efecto del cambio climático sobre el bosque nuboso (Porrás-Jiménez et al., 2014).

## 5. CONCLUSIONES

El microbioma del suelo de la Isla del Coco es diferente entre las coberturas vegetales abordadas y señala que la microbiota tiene potencial de ser utilizada como un indicador de la degradación de los bosques. Además, las variaciones observadas se deben a factores bióticos y abióticos que interactúan con el medio terrestre. Por otra parte, la elevación, la temperatura y la disponibilidad de manganeso en el suelo son los principales factores ambientales predictores de las variaciones observadas de la comunidad bacteriana. Sin embargo, se desconoce el origen de una proporción considerable de este fenómeno, lo que sugiere que otras condiciones características del PNIC y contrastantes entre sitios, no tomadas en cuenta en este estudio, pueden explicar mejor estas variaciones.

La predominancia de los filos Proteobacteria y Planctomycetes, usualmente asociados a ambientes marinos y acuáticos, permite especular la posibilidad de organismos con la capacidad de habitar también en el ambiente marino y eventos que pueden mediar en su ocurrencia y permanencia.

Las variables ambientales tomadas en cuenta en este estudio no logran explicar las variaciones de la comunidad fúngica. Al tomar como referencia estudios a nivel global, se considera que otros factores ambientales relacionados con el clima, como la humedad relativa o la precipitación media anual, podrían explicar en mayor proporción el patrón de la comunidad fúngica. Otra posibilidad es que el marcador ITS y utilizar solamente 500 pb no sean suficientes.

La ecología y alta abundancia de filotipos microbianos asociados a la fauna como Syntrophobacteraceae, Sinobacteraceae, Chaetomiaceae y *Trichosporon* en sitios donde la fauna introducida es más recurrente, sugieren que este fenómeno es influyente en el microbioma fúngico.



## 6. RECOMENDACIONES

Analizar, a mayor profundidad, las funciones del microbioma y principales filotipos a través de rutas metabólicas. Repetir el análisis usando ASVs y bases de datos más actualizadas, así como realizar análisis metagenómicos y cultivar los filotipos más abundantes para realizar experimentos que contribuyan a comprender su ecología y evolución.

Evaluar el microbioma del suelo en las perturbaciones por escarbaderos causados por los cerdos, con la hipótesis de encontrar alteraciones en la composición microbiana. Esto porque muchos organismos son específicos de microambientes como los agregados del suelo donde hay poca concentración de oxígeno (Fierer, 2017).

Realizar una modelación exhaustiva de las variables ambientales que influyen en las variaciones y abundancias de las comunidades de microorganismos, considerando la transformación de datos para mejorar el coeficiente de correlación de Pearson ( $r$ ,  $\alpha=0,05$ ) y las relaciones lineales entre las variables explicativas y la variable respuesta (Serna-Chávez et al., 2013). Asimismo, considerar estudiar la influencia de variables no tomadas en cuenta en este estudio como la disponibilidad de humedad en el suelo, la temperatura del suelo, la humedad relativa y la precipitación media anual.

Estudiar las relaciones entre plantas y microorganismos del suelo entre los sitios; específicamente, la influencia de composición química de la hojarasca sobre la estructura de la comunidad microbiana, lo cual se ha estudiado poco y se ha encontrado concluyente en otras investigaciones (Fanin et al., 2013; Fanin et al., 2014). Asimismo, investigar las posibles fuentes de Mn, variable que explica la composición bacteriana de la Isla del Coco.

## 7. REFERENCIAS

- Abarenkov, K., Nilsson, R. H., Larsson, K.-H., Alexander, I. J., Eberhardt, U., Erland, S., Høiland, K., Kjølner, R., Larsson, E., Pennanen, T., Sen, R., Taylor, A. F. S., Tedersoo, L., Ursing, B. M., Vrålstad, T., Liimatainen, K., Peintner, U., & Kõljalg, U. (2010). The UNITE database for molecular identification of fungi – recent updates and future perspectives. *New Phytologist*, 186(2), 281-285. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2009.03160.x>
- Acosta-Vargas, L., Rovere, A. E., Camacho-Sandoval, J. (2020). Effectiveness of two treatments to promote tree regeneration: implications for forest restoration in the Isla del Coco National Park, Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 68(Suppl. 1), S103-S114.
- Alfaro, E. J. (2008). Ciclo diario y anual de variables troposféricas y oceánicas en la Isla del Coco, Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 56(2), 19-29.
- Alfaro, E. J. & Hidalgo, H. G. (2016). Climate of an oceanic island in the Eastern Pacific: Isla del Coco, Costa Rica, Central America. *Revista de Biología Tropical*, 64(1), S59-S74.
- Anderson, M. J. 2001. A new method for non-parametric multivariate analysis of variance. *Austral Ecology* 26(1), 32-46.
- Ansel, P. J., Young, T. W. K. (1982). Association of *Mortierella chlamydospora* and *Mortierella indohii* with plants in culture. *Microbios Letters*, 19, 193–244.
- Baldani, J. I., Videira, S. S., dos Santos Teixeira, K. R., Reis, V. M., de Oliveira, Schwab, S., A. L. M., de Souza, E. M., Pedraza, R. O., Baldani, V. L. D., Hartmann, A. (2014). The Family Rhodospirillaceae. In E. Rosenberg, E. F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt, F. Thompson (eds.), *The Prokaryotes*:

- Alphaproteobacteria and Betaproteobacteria* (533–618). Springer, Berlin, Heidelberg. doi: 10.1007/978-3-642-30197-1\_300
- Barbosa, F. R., Raja, H. A., Shearer, C. A., Gusmão, L. F. P. (2012) Three *Chaetomium* species (Chaetomiaceae, Ascomycota) from the semiarid region of Brazil. *Sitientibus série Ciências Biológicas* 12(1), 115–118.
- Berman, J. J. (2012). *The Alpha Proteobacteria. Taxonomic Guide to Infectious Diseases*, 25–31. doi:10.1016/b978-0-12-415895-5.00005-2
- Blackwell, M. (2011). The Fungi: 1, 2, 3 ... 5.1 million species? *American Journal of Botany*, 98(3), 426–438. doi:10.3732/ajb.1000298
- Blanchet, F. G., Legendre, P., & Borcard, D. (2008). Forward Selection of Explanatory Variables. *Ecology*, 89(9), 2623-2632.
- Bonilla-Mata, R., & Acosta Vargas, L. G. (2020). Dynamic and growth of the forests of the Isla del Coco National Park, Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 68(Suppl. 1), S89-S102.
- Bonner, M. (2016). *Restoration of soil microbes and organic matter through tropical reforestation* [Doctor of Philosophy Thesis]. School of Agriculture and Food Science, The University of Queensland.
- Bouyoucos, G. J. (1962). Hydrometer method improved for making particle size analysis of soils. *Agronomy Journal*, 54(5), 464-465.
- Bovino-Agostini, V., Bruland, G. L., Litton, C. M., Evensen, C. I. (2011). *Spatial and temporal dynamics and effects of feral pigs (Sus scrofa) on Enterococci in soil and runoff of a forested watershed in Hawaii* [Master of Science Thesis]. Manoa, University of Hawaii. Recovered from: <http://hdl.handle.net/10125/101404>

- Bray, J. R. & Curtis, J. T. (1957). An ordination of the upland forest communities of Southern Wisconsin. *Ecological Monographs* 27(4), 325-349.
- Cameron, T. A., Zupan, J. R., & Zambryski, P. C. (2015). The essential features and modes of bacterial polar growth. *Trends in Microbiology*, 23(6), 347–353. doi:10.1016/j.tim.2015.01.003
- Castanedo-Escoto, J. C. (2017). *Estimación de la biomasa y carbono orgánico sobre el suelo de los bosques del Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica Según Zona de Vida* [Tesis de Licenciatura]. Escuela de Ingeniería Forestal, Instituto Tecnológico de Costa Rica.
- Clarke, K. R. (1993). Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure. *Australian Journal of Ecology*, 18(1), 117–143.
- Colombo, A. L., Padovan, A. C. B., & Chaves, G. M. (2011). Current Knowledge of *Trichosporon* spp. and Trichosporonosis. *Clinical Microbiology Reviews*, 24(4), 682–700. doi:10.1128/cmr.00003-11
- Corrales-Retana, I. (2018). *Estado fitosanitario de la población de Sacoglottis holdridgei (Cuatrec.) y caracterización del lepidóptero frugívoro, en el Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica*. Tesis de Licenciatura. Escuela de Ingeniería Forestal, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Cartago, Costa Rica. 30 pp.
- Cortés, J. (2008). Historia de la investigación marina de la Isla del Coco, Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 56(2), 1-18.
- Cortés, J. (2012). Marine biodiversity of an Eastern Tropical Pacific oceanic island, Isla del Coco, Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 60(3), 131-185.
- Dedysh, S. N. and Ivanova, A. A. (2020). Isosphaeraceae. In M. E. Trujillo, S. Dedysh, P. DeVos, B. Hedlund, P. Kämpfer, F. A. Rainey, W. B. Whitman, *Bergey's*

*Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. <https://doi.org/10.1002/9781118960608.fbm00375>

DeSantis, T. Z., Hugenholtz, P., Larsen, N., Rojas, M., Brodie, E. L., Keller, K., Huber, T., Dalevi, D., Hu, P., & Andersen, G. L. (2006). Greengenes, a Chimera-Checked 16S rRNA Gene Database and Workbench Compatible with ARB. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(7), 5069-5072. <https://doi.org/10.1128/AEM.03006-05>

Díaz-Cárdenas, C., Rubiano-Labrador, C. and Baena, S. (2019). *Tistlia*. In M. E. Trujillo, S. Dedysh, P. DeVos, B. Hedlund, P. Kämpfer, F. A. Rainey, W. B. Whitman, *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. <https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01691>

Donlan, C. J. & Wilcox, C. (2008). Diversity, invasive species and extinctions in insular ecosystems. *Journal of Applied Ecology*, 45(4), 1114-1123.

Duffy, E. M., & Cassells, A. C. (2003). ROOT DEVELOPMENT | Mycorrhizae. *Encyclopedia of Applied Plant Sciences*, 1107–1115. doi:10.1016/b0-12-227050-9/00043-0

Dunkell, D. O., Bruland, G. L., Evensen, C. I. & Walker, M. J. (2011). Effects of feral pig (*Sus scrofa*) exclusion on Enterococci in runoff from the forested headwaters of a Hawaiian watershed. *Water Air and Soil Pollution*, 221(1), 313–326.

Dwivedi, V., & Soni, P. (2011). A review on the role of soil microbial biomass in eco-restoration of degraded ecosystem with special reference to mining areas. *Journal of Applied and Natural Science* 3(1), 151 -158

Eaton, W. D., Shokralla, S., McGee, K. M., Hajibabaei, M. (2017). Using metagenomics to show the efficacy of forest restoration in the New Jersey Pine Barrens.

- Eaton, W. D., Shokralla, S., McGee, K. M., & Hajibabaei, M. (2017). Using metagenomics to show the efficacy of forest restoration in the New Jersey Pine Barrens. *Genome*, *60*(10), 825–836. doi:10.1139/gen-2015-0199
- Egidi, E., Delgado-Baquerizo, M., Plett, J. M., Wang, J., Eldridge, D. J., Bardgett, R. D., Maestre, F. T., Singh, B. K. (2019). A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide. *Nature Communications*, *10*(1). doi:10.1038/s41467-019-10373-z
- Eisenberg, D., Gill, H. S., Pfluegl, G. M. U., y Rotstein, S. H. (2000). Structure-function relationships of glutamine synthetases. *Biochimica et Biophysica Acta*, *1477*(1-2), pp. 122-145.
- Erlacher, A., Cernava, T., Cardinale, M., Soh, J., Sensen, C. W., Grube, M., Berg, G. (2015). Rhizobiales as functional and endosymbiotic members in the lichen symbiosis of *Lobaria pulmonaria* L. *Frontiers in Microbiology*, *6*. doi: 10.3389/fmicb.2015.00053
- Fanin N, Fromin N, Buatois B, Hättenschwiler S (2013) An experimental test of the hypothesis of non-homeostatic consumer stoichiometry in a plant litter-microbe system. *Ecol Lett* *16*:764–772
- Fanin, N., Hättenschwiler, S., & Fromin, N. (2014). Litter fingerprint on microbial biomass, activity, and community structure in the underlying soil. *Plant and Soil*, *379*(1-2), 79–91. doi:10.1007/s11104-014-2051-7
- Fierer, N., Bradford, M. A., & Jackson, R. B. (2007). TOWARD AN ECOLOGICAL CLASSIFICATION OF SOIL BACTERIA. *Ecology*, *88*(6), 1354–1364.

- Fierer, N. (2017). Embracing the unknown: Disentangling the complexities of the soil microbiome. *Nature Reviews Microbiology*, 15(10), 579-590. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.87>
- Frey-Klett, P., Garbaye, J., & Tarkka, M. (2007). The mycorrhiza helper bacteria revisited. *New Phytologist*, 176(1), 22–36. doi:10.1111/j.1469-8137.2007.02191.x
- Fuerst, J. A., & Sagulenko, E. (2011). Beyond the bacterium: planctomycetes challenge our concepts of microbial structure and function. *Nature Reviews Microbiology*, 9(6), 403–413. doi:10.1038/nrmicro2578
- Galante, T. E., Horton, T. R. & Swaney, D. P. (2011). 95% of basidiospores fall within 1 m of the cap: a field-and modeling-based study. *Mycologia*, 103(6), 1175-1183.
- Geml, J., Morgado, L. N., Semenova-Nelsen, T. A., & Schilthuizen, M. (2017). Changes in richness and community composition of ectomycorrhizal fungi among altitudinal vegetation types on Mount Kinabalu in Borneo. *New Phytologist*, 215(1), 454–468. doi:10.1111/nph.14566
- Gómez, J. R. (2004). *Estudio denso-poblacional de los roedores introducidos y su impacto sobre la fauna nativa en la Isla del Coco* [Tesis de maestría]. Universidad Nacional de Costa Rica, Heredia, Costa Rica.
- Good, I. J. (1953). The population frequencies of species and the estimation of population parameters. *Biometrika* 40(3/4), 237-264.
- Hamady, M., Lozupone., C., and Knight, R. (2010). Fast UniFrac: facilitating high-throughput phylogenetic analyses of microbial communities including analysis of pyrosequencing and PhyloChip data. *The ISME Journal* 4, 17–27.

- Harris, J. (2009). Soil Microbial Communities and Restoration Ecology: Facilitators or Followers? *Science*, 325(5940), 573–574. doi:10.1126/science.1172975
- Hartmann, M., Niklaus, P. A., Zimmermann, S., Schmutz, S., Kremer, J., Abarenkov, K., Lüscher, P., Widmer, F., & Frey, B. (2014). Resistance and resilience of the forest soil microbiome to logging-associated compaction. *The ISME journal*, 8(1), 226–244.
- Hastie, T. J. and Pregibon, D. (1992). Generalized linear models. In J. M. Chambers and T. J. Hastie (Eds.), *Statistical Models in S*. Wadsworth & Brooks/Cole.
- Hiraishi, A., & Ueda, Y. (1994). *Rhodoplanes* gen. nov., a New Genus of Phototrophic Bacteria Including *Rhodopseudomonas rosea* as *Rhodoplanes roseus* comb. nov. and *Rhodoplanes elegans* sp. nov. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 44(4), 665–673. doi:10.1099/00207713-44-4-665
- Ishaq, S. L., Wright, A. D. G. (2012). Insight into the bacterial gut microbiome of the North American moose (*Alces alces*). *BMC Microbiology*, 12(212).
- Janssen, P. H. (2006). Identifying the Dominant Soil Bacterial Taxa in Libraries of 16S rRNA and 16S rRNA Genes. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(3), 1719-1728. doi:10.1128/AEM.72.3.1719–1728.2006
- Kielak, A. M., Barreto, C. C., Kowalchuk, G. A., van Veen, J. A., & Kuramae, E. E. (2016). The Ecology of Acidobacteria: Moving beyond Genes and Genomes. *Frontiers in Microbiology*, 7:744. doi: 10.3389/fmicb.2016.00744
- Kozich, J. J., Westcott, S. L., Baxter, N. T., Highlander, S. K., & Schloss, P. D. (2013). Development of a Dual-Index Sequencing Strategy and Curation Pipeline for Analyzing Amplicon Sequence Data on the MiSeq Illumina Sequencing Platform.



*Applied and Environmental Microbiology*, 79(17), 5112-5120.  
<https://doi.org/10.1128/AEM.01043-13>

Kruskal, J. B. (1964a). Multidimensional scaling by optimizing goodness-of-fit to a nonmetric hypothesis. *Psychometrika* 29(1), 1–28.

Kruskal, J. B. (1964b). Nonmetric multidimensional scaling: a numerical method. *Psychometrika* 29(2), 115–129.

Kuever, J. (2014). The Family Syntrophobacteraceae. In E. Rosenberg, E. F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt, F. Thompson (eds.), *The Prokaryotes: Alphaproteobacteria and Betaproteobacteria* (289–299). Springer, Berlin, Heidelberg. doi: 10.1007/978-3-642-30197-1\_300

Lauber, C., Knight, R., Hamady, M. & Fierer, N. (2009). Soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale: a pyrosequencing-based assessment. *Applied and Environmental Microbiology* 75, 5111–5120.

Legendre, P., & Gallagher, E. D. (2001). Ecologically meaningful transformations for ordination of species data. *Oecologia*, 129(2), 271–280. doi:10.1007/s004420100716

Legendre, P., & Legendre, L. (2012) *Numerical Ecology*. 3rd English ed. Elsevier.

Levene, H. (1960). "Robust tests for equality of variances". In I. Olkin, H. Hotelling, et al. (Eds.). *Contributions to Probability and Statistics: Essays in Honor of Harold Hotelling* (pp. 278–292). Stanford University Press.

Levy-Booth, D. J., Giesbrecht, I. J. W., Kellogg, C. T. E. et al. (2019). Seasonal and ecohydrological regulation of active microbial populations involved in DOC, CO<sub>2</sub>, and CH<sub>4</sub> fluxes in temperate rainforest soil. *The ISME Journal*, 13, 950–963. <https://doi.org/10.1038/s41396-018-0334-3>

- Li, S., Wang, P., Chen, Y., Wilson, M. C., Yang, X., Ma, C., Lu, J., Chen, X., Wu, J., Shu, W., Jiang, L. (2020). Island biogeography of soil bacteria and fungi: similar patterns, but different mechanisms. *The ISME Journal*, 14, 1886–1896.
- Lizano, O. (2012). Rasgos morfológicos alrededor de la Isla del Coco y de sus montes submarinos vecinos, Pacífico de Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 60(3), 43-51.
- Losos, J. B., & Ricklefs, R. E. (2009). Adaptation and diversification on islands. *Nature*, 457(7231), 830.
- Madriz-Masís, J. P. (2009). El Parque Nacional Isla del Coco (PNIC): Una isla oceánica invadida. *Biocenosis* 22(1-2), 12.
- Margulis, L., & Chapman, M. J. (2009). *Kingdoms and Domains* (4th ed.), 379–409. Elsevier. doi:10.1016/b978-0-12-373621-5.00004-0
- Mohr, D., Cohnstaedt, L. W., & Topp, W. (2005). Wild boar and red deer affect soil nutrients and soil biota in steep oak stands of the Eifel. *Soil Biology and Biochemistry*, 37(4), 693-700. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2004.10.002>
- Money, N. P. (2016). Fungal Diversity. In S. C. Watkinson, L. Boddy, & N. P. Money (eds.), *The Fungi* (3rd ed.), 1-36. Elsevier.
- Montoya, M. (2016). Isla del Coco: Marine Ecosystem. In M. Kappelle (Ed.), *Costa Rican Ecosystems* (pp. 192-244). Chicago: University of Chicago Press.
- Morrison, E. S., Thomas, P., Ogram, A., Kahveci, T., Turner, B. L., & Chanton, J. P. (2020). Characterization of Bacterial and Fungal Communities Reveals Novel Consortia in Tropical Oligotrophic Peatlands. *Microbial Ecology*. doi:10.1007/s00248-020-01483-z

- Muthukumar, T., Udaiyan, K., & Shanmughavel, P. (2004). Mycorrhiza in sedges – An Overview. *Mycorrhiza*, 14(2), 65-77.
- Nemergut, D. R., Cleveland, C. C., Wieder, W. R., Washenberger, C. L., & Townsend, A. R. (2010). Plot-scale manipulations of organic matter inputs to soils correlate with shifts in microbial community composition in a lowland tropical rain forest. *Soil Biology and Biochemistry*, 42(12), 2153–2160.
- Norros, V., Penttilä, R., Suominen, M. & Ovaskainen, O. (2012). Dispersal may limit the occurrence of specialist wood decay fungi already at small spatial scales. *Oikos*, 121(6), 961-974.
- Nottingham, A. T., Whitaker, J., Turner, B. L., Salinas, N., Zimmermann, M., Malhi, Y., & Meir, P. (2015). Climate Warming and Soil Carbon in Tropical Forests: Insights from an Elevation Gradient in the Peruvian Andes. *BioScience*, 65(9), 906–921.
- Nottingham, A. T., Fierer, N., Turner, B. L., Whitaker, J., Ostle, N. J., McNamara, N. P., Bardgett, R. D., Leff, J. W., Salinas, N., Silman, M. R, Kruuk, L. E. B., Meir, P. (2018). Microbes follow Humboldt: temperature drives plant and soil microbial diversity patterns from the Amazon to the Andes. *Ecology*, 99(11), 2455–2466
- Olsen, S. R. (1954). *Estimation of available phosphorus in soils by extraction with sodium bicarbonate*. US Department of Agriculture.
- Ozimek, E.; Hanaka, A. (2021). *Mortierella* Species as the Plant Growth-Promoting Fungi Present in the Agricultural Soils. *Agriculture*, 11(1), 7. <https://dx.doi.org/10.3390/agriculture11010007>
- Parkes, J. P., Easdale, T. A., Williamson, W. M., & Forsyth, D. M. (2015). Causes and consequences of ground disturbance by feral pigs (*Sus scrofa*) in a lowland New

- Zealand conifer–angiosperm forest. *New Zealand Journal of Ecology*, 39(1), 34–42.
- Paul, E. A. (2015). *Soil Microbiology, Ecology and Biochemistry* (4th Ed.). Academic Press. San Diego.
- Porras-Jiménez, M. A. (2012). *Dinámica de los bosques del Parque Nacional Isla del Coco, Área de Conservación Marina Isla del Coco* [Tesis de Licenciatura]. Escuela de Ingeniería Forestal, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Cartago, Costa Rica.
- Porras-Jiménez, M. A., Acosta-Vargas, L. G., Castillo-Ugalde, M., Quesada-Monge, R. (2014). Estructura y composición florística del bosque nuboso de la Isla del Coco. *Revista Tecnología en Marcha*, 27, 22-36.
- Protti, M., González, V., Freymueller, J., Doelger, S. (2012). Isla del Coco, on Cocos Plate, converges with Isla de San Andrés on the Caribbean Plate, at 78 mm/yr. *Revista de Biología Tropical*, 60(3), 33-41.
- Pruesse, E., Quast, C., Knittel, K., Fuchs, B. M., Ludwig, W., Peplies, J., & Glöckner, F. O. (2007). SILVA: A comprehensive online resource for quality checked and aligned ribosomal RNA sequence data compatible with ARB. *Nucleic Acids Research*, 35(21), 7188-7196. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkm864>
- R Core Team. (2013). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing. <http://www.R-project.org/>
- Ramírez, K. S., Leff, J. W., Barberan, A., Bates, S. T., Betley, J., Crowther, T. W., ... Fierer, N. (2014). Biogeographic patterns in below-ground diversity in New York City's Central Park are similar to those observed globally. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 281(1795). doi:10.1098/rspb.2014.1988

- Ríus, F., Barón, F. J., Sánchez, E., & Castañeda, L. (2000). *Bioestadística*.
- Rojas-Jiménez, K. (2018). Microorganismos del corredor marino Isla del Coco-Galápagos: diversidad funcional y de especies. *Tecnología en Marcha*, 31(4), 157-166. DOI: <https://doi.org/10.18845/tm.v31i4.3974>
- Rojas, W. y Alvarado, G. E. (2012). Marco geológico y tectónico de la Isla del Coco y la región marítima circunvecina, Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 60(3), 15-32.
- Ruiz-Jaen, M. C., & Mitchell Aide, T. (2005). Restoration success: How is it being measured? *Restoration ecology*, 13(3), 569–577.
- Santana, R. S. M., Fernandes, G. W., Ávila, M. P., Reis, M. P., de Araújo, F. M. G., Salim, A. C. M., Oliveira, G., Chartone-Souza, E., Nascimento, A. M. A. (2016). Endophytic Microbiota Associated with the Roots Tips and Leaves of *Baccharis dracunculifolia*. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 59.
- Schloss, P. D., Westcott, S. L., Ryabin, T., Hall, J. R., Hartmann, M., Hollister, E. B., Lesniewski, R. A., Oakley, B. B., Parks, D. H., Robinson, C. J., Sahl, J. W., Stres, B., Thallinger, G. G., Horn, D. J. V., & Weber, C. F. (2009). Introducing mothur: Open-Source, Platform-Independent, Community-Supported Software for Describing and Comparing Microbial Communities. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(23), 7537-7541. <https://doi.org/10.1128/AEM.01541-09>
- Serna-Chávez, H. M., Fierer, N., van Bodegom, P. M. (2013). Global drivers and patterns of microbial abundance in soil. *Global Ecology and Biogeography*, 22(10), 1162–1172
- Shannon, C. E., Weaver, W. (1949). *The mathematical theory of communication*. University of Illinois Press. Urbana, IL, EEUU. 144 pp

- Shapiro, S. S. & Wilk, M. B. 1965. An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52(3/4) 591–611.
- Sierra, C. (2001). El cerdo cimarrón (*Sus scrofa*, Suidae) en la Isla del Coco, Costa Rica: Escarbaduras, alteraciones al suelo y erosión. *Revista de Biología Tropical*, 49(3/4), 1158-1170.
- Sierra, C., Baldi, M., & Jiménez, L. (2020). *Implementación del plan de especies exóticas e invasoras en el Parque Nacional Isla del Coco: Estudio poblacional de cerdos y venados* (p. 28). Fundación Tropos.
- SINAC (Sistema Nacional de Áreas de Conservación, CR). (2016). *Propuesta de actualización del Plan General de Manejo del Parque Nacional Isla del Coco 2017-2026*. Eds. H. Acevedo, V. Obando y Y. Villalobos. San José, Costa Rica. 143 p.
- Soteras, F., Ibarra, C., Geml, J., Barrios-García, M. N., Domínguez, L. S., & Nouhra, E. R. (2017). Mycophagy by invasive wild boar (*Sus scrofa*) facilitates dispersal of native and introduced mycorrhizal fungi in Patagonia, Argentina. *Fungal Ecology*, 26, 51–58. doi:10.1016/j.funeco.2016.11.008
- Srinivas, A., Sasikala, C., & Ramana, C. V. (2014). *Rhodoplanes oryzae* sp. nov., a phototrophic alphaproteobacterium isolated from the rhizosphere soil of paddy. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 64(7), 2198–2203. doi:10.1099/ijs.0.063347-0
- Taylor, D. L., Walters, W. A., Lennon, N. J., Bochicchio, J., Krohn, A., Caporaso, J. G., & Pennanen, T. (2016). Accurate Estimation of Fungal Diversity and Abundance through Improved Lineage-Specific Primers Optimized for Illumina Amplicon Sequencing. *Applied and Environmental Microbiology*, 82(24), 7217-7226. DOI: <https://doi.org/10.1128/AEM.02576-16>

- Tebo, B. M., Bargar, J. R., Clement, B. G., Dick, G. J., Murray, K. J., et al. (2004) Biogenic manganese oxides: Properties and mechanisms of formation. *Annual Review of Earth and Planetary Sciences*, 32(1), 287–328
- Ter Braak, C. J. F. (1986) Canonical Correspondence Analysis: a new eigenvector technique for multivariate direct gradient analysis. *Ecology* 67(5), 1167-1179.
- Towns, D.R., Atkinson, I.A.E. & Daugherty, C.H. (2006) Have the harmful effects of introduced rats on islands been exaggerated? *Biological Invasions*, 8,863-891
- Trusty, J. L., Kesler, H. C., Delgado, G. H. (2006). Vascular flora of Isla del Coco, Costa Rica. *Proceedings-California Academy of Sciences*, 57(1/11), 247.
- Van den Brink, J., Facun, K., de Vries, M., & Stielow, J. B. (2015). Thermophilic growth and enzymatic thermostability are polyphyletic traits within Chaetomiaceae. *Fungal Biology*, 119(12), 1255–1266. doi:10.1016/j.funbio.2015.09.011
- Wang, S., Meade, A., Lam, H-M., Luo, H. (2020). Evolutionary timeline and genomic plasticity underlying the lifestyle diversity in Rhizobiales. *mSystems* 5(4). <https://doi.org/10.1128/mSystems.00438-20>.
- Wang, X. W., Yang, F. Y., Meijer, M., Kraak, B., Sun, B. D., Jiang, Y. L., ... Houbraken, J. (2018). Redefining Humicola sensu stricto and related genera in the Chaetomiaceae. *Studies in Mycology*, 93, 65-153. doi:10.1016/j.simyco.2018.07.001
- Ward, B. B. (2008). Nitrification in Marine Systems. In D. G Capone, D. A. Bronk, M. R. Mulholland, E. J. Carpenter, *Nitrogen in the Marine Environment*, 199–261. doi:10.1016/b978-0-12-372522-6.00005-0

- Ward, N. L., Challacombe, J. F., Janssen, P. H., et al. (2009). Three genomes from the phylum Acidobacteria provide insight into the lifestyles of these microorganisms in soils. *Applied and Environmental Microbiology*, *75*(7), 2046–2056
- Wehr, N. H., Kinney, K. M., Nguyen, N. H., Giardina, C. P., & Litton, C. M. (2019). Changes in soil bacterial community diversity following the removal of invasive feral pigs from a Hawaiian tropical montane wet forest. *Scientific Reports*, *9*(1), 1-9. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48922-7>
- Wirthner, S., Frey, B., Busse, M. D., Schutz, M. & Risch, A. C. (2011). Effects of wild boar (*Sus scrofa* L.) rooting on the bacterial community structure in mixed-hardwood forest soils in Switzerland. *European Journal of Soil Biology*, *47*(5), 296–302. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2011.07.003>
- Wen, Y. C., Li, H.Y., Lin, Z. A. et al. (2020). Long-term fertilization alters soil properties and fungal community composition in fluvo-aquic soil of the North China Plain. *Scientific Reports*, *10*, 7198. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-64227-6>
- Wu, L., Nie, Y., Yang, Z., & Zhang, J. (2016). Responses of soil inhabiting nitrogen-cycling microbial communities to wetland degradation on the Zoige Plateau, China. *Journal of Mountain Science*, *13*(12), 2192–2204. doi:10.1007/s11629-016-4004-5
- Yang, W., Zhang, Z., Zhang, Z., Chen, H., Liu, J., Ali, M., Liu, F., Li, L. (2013). Population Structure of Manganese-Oxidizing Bacteria in Stratified Soils and Properties of Manganese Oxide Aggregates under Manganese–Complex Medium Enrichment. *PLoS ONE*, *8*(9): e73778. doi:10.1371/journal.pone.0073778
- Yu, J., Payne, G. A., Campbell, B. C., Guo, B., Cleveland, T. E., Robens, J. F., Keller, N. P., Bennett, J. W., Nierman, W. C., Steinbach, W. J. (2008) Mycotoxin



production and prevention of aflatoxin contamination in food and feed. In G. H. Goldman, S. A. Osmani (eds), *The aspergilli: Genomics, medical aspects, biotechnology, and research methods*, 457-472. CRC Press, Taylor and Francis Group, Boca Raton.

Zhou, Y., Zhang, Y.-Q., Zhi, X.-Y., Wang, X., Dong, J., Chen, Y., Lai, R., Li, W.-J. (2008). Description of *Sinobacter flavus* gen. nov., sp. nov., and proposal of Sinobacteraceae fam. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 58(1), 184–189. doi:10.1099/ijs.0.65244-0

## 8. ANEXOS

Anexo 1. Clasificación taxonómica de los OTU (Operational Taxonomic Units) determinados en el estudio. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| Taxon   | Bacterias |              |          |           | Hongos |              |          |           |
|---------|-----------|--------------|----------|-----------|--------|--------------|----------|-----------|
|         | OTUs      | OTUs Acumul. | Contr. % | Acumul. % | OTUs   | OTUs Acumul. | Contr. % | Acumul. % |
| Especie | 54        | 54           | 1,28     | 1,28      | 149    | 149          | 15,14    | 15,14     |
| Género  | 540       | 594          | 12,81    | 14,09     | 20     | 169          | 2,03     | 17,17     |
| Familia | 1573      | 2167         | 37,30    | 51,39     | 118    | 287          | 11,99    | 29,17     |
| Orden   | 997       | 3164         | 23,64    | 75,03     | 116    | 403          | 11,79    | 40,96     |
| Clase   | 522       | 3686         | 12,38    | 87,41     | 98     | 501          | 9,96     | 50,91     |
| Filo    | 223       | 3909         | 5,29     | 92,70     | 232    | 733          | 23,58    | 74,49     |
| Reino   | 308       | 4217         | 7,30     | 100,00    | 251    | 984          | 25,51    | 100,00    |

Anexo 2. Salidas del análisis estadístico en R de los modelos generales lineales simplificados, de la influencia de las variables ambientales en el Índice de Shannon para la comunidad de bacterias. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| Variables   | Estimate | Std, Error | t value | Pr(> t )   |
|-------------|----------|------------|---------|------------|
| Temperatura | 0,02006  | 0,01953    | 1,027   | 0,323      |
| Elevación   | -0,00026 | 0,000174   | -1,507  | 0,156      |
| Arena       | -0,00392 | 0,003232   | -1,213  | 0,253      |
| Limo        | 0,004111 | 0,011038   | 0,372   | 0,717      |
| Arcilla     | 0,003064 | 0,00305    | 1,005   | 0,339      |
| pH          | -0,14893 | 0,08976    | -1,659  | 0,128      |
| Carbono     | 0,03283  | 0,04479    | 0,733   | 0,48       |
| Nitrógeno   | 0,58262  | 0,25959    | 2,244   | 0,0486 *   |
| Relación CN | -0,0187  | 0,007084   | -2,64   | 0,0247 *   |
| Acidez      | 0,02056  | 0,02827    | 0,727   | 0,484      |
| Aluminio    | 0,01554  | 0,04243    | 0,366   | 0,722      |
| Calcio      | 1,7968   | 0,6184     | 2,906   | 0,0157 *   |
| Magnesio    | -0,4104  | 0,3278     | -1,252  | 0,239      |
| Potasio     | 1,30265  | 0,31298    | 4,162   | 0,00194 ** |

|           |          |          |       |          |
|-----------|----------|----------|-------|----------|
| CICE      | 0,02213  | 0,02695  | 0,821 | 0,431    |
| SA        | 0,003483 | 0,005133 | 0,679 | 0,513    |
| Fósforo   | -0,00049 | 0,003256 | -0,15 | 0,883    |
| Zinc      | 0,09444  | 0,06107  | 1,546 | 0,153    |
| Hierro    | 2,19E-04 | 7,32E-04 | 0,299 | 0,771    |
| Manganeso | 0,00278  | 0,001169 | 2,377 | 0,0388 * |

Signif, codes: 0 '\*\*\*' 0,001 '\*\*' 0,01 '\*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Anexo 3. Salidas del análisis estadístico en R de los modelos generales lineales simplificados, de la influencia de las variables ambientales en el Índice de Shannon para la comunidad de hongos. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| Variables   | Estimate | Std, Error | t value | Pr(> t ) |
|-------------|----------|------------|---------|----------|
| Temperatura | 0,08097  | 0,11129    | 0,728   | 0,48     |
| Elevación   | -0,002   | 0,00144    | -1,387  | 0,189    |
| Arena       | -0,02545 | 0,01598    | -1,593  | 0,14229  |
| Limo        | -0,05095 | 0,05513    | -0,924  | 0,377169 |
| Arcilla     | 0,02613  | 0,01433    | 1,823   | 0,09822. |
| pH          | 0,03361  | 0,52371    | 0,064   | 0,95     |
| Carbono     | -0,1809  | 0,2306     | -0,784  | 0,45104  |
| Nitrógeno   | 0,7186   | 1,6293     | 0,441   | 0,668566 |
| Relación CN | -0,0582  | 0,04399    | -1,323  | 0,215    |
| Acidez      | -0,0223  | 0,1497     | -0,149  | 0,885    |
| Aluminio    | -0,04478 | 0,22029    | -0,203  | 0,843    |
| Calcio      | 2,1585   | 4,2858     | 0,504   | 0,62543  |
| Magnesio    | 0,4383   | 1,8168     | 0,241   | 0,814246 |
| Potasio     | 1,4405   | 2,6344     | 0,547   | 0,596517 |
| CICE        | -0,01127 | 0,14384    | -0,078  | 0,939    |
| SA          | -0,00929 | 0,026971   | -0,345  | 0,7375   |
| Fósforo     | -0,00082 | 0,016842   | -0,049  | 0,962    |
| Zinc        | 0,133    | 0,3488     | 0,381   | 0,711    |
| Hierro      | -0,00408 | 0,003576   | -1,141  | 0,281    |
| Manganeso   | 0,007469 | 0,010604   | 0,704   | 0,497    |

Signif, codes: 0 '\*\*\*' 0,001 '\*\*' 0,01 '\*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Anexo 4. Salidas de las pruebas de permutaciones de los Análisis de Correspondencia Canónica (CCA) en R, de la influencia de las variables ambientales en los patrones de la comunidad de bacterias. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| Variabes    | ChiSquare | F      | Pr(>F)    | Pr(>F) Model |
|-------------|-----------|--------|-----------|--------------|
| Elevación   | 0,20991   | 4,2009 | 0,001 *** | 0,001***     |
| Temperatura | 0,1897    | 3,6819 | 0,001 *** | 0,001***     |
| Arena       | 0,08246   | 1,4523 | 0,157     | 0,162        |
| Limo        | 0,04338   | 0,7148 | 0,698     | 0,721        |
| Arcilla     | 0,08954   | 1,5969 | 0,104     | 0,109        |
| pH          | 0,19266   | 4,2101 | 0,001 *** | 0,001 ***    |
| Carbono     | 0,12987   | 2,4955 | 0,015 *   | 0,015 *      |
| Nitrógeno   | 0,18074   | 3,8494 | 0,003 **  | 0,001 ***    |
| Relación CN | 0,18071   | 3,8485 | 0,001 *** | 0,002 **     |
| Acidez      | 0,07225   | 1,2499 | 0,24      | 0,239        |
| Aluminio    | 0,06992   | 1,2048 | 0,27      | 0,289        |
| Calcio      | 0,14176   | 2,7876 | 0,008 **  | 0,01 **      |
| Magnesio    | 0,15605   | 3,1575 | 0,005 **  | 0,005 **     |
| Potasio     | 0,1723    | 3,6049 | 0,001 *** | 0,001 ***    |
| CICE        | 0,07456   | 1,295  | 0,225     | 0,257        |
| SA          | 0,10604   | 1,9483 | 0,062 .   | 0,047 *      |
| Fósforo     | 0,141     | 2,7687 | 0,001 *** | 0,001 ***    |
| Zinc        | 0,06885   | 1,1842 | 0,295     | 0,261        |
| Hierro      | 0,05548   | 0,9327 | 0,468     | 0,465        |
| Manganeso   | 0,13226   | 2,5532 | 0,016 *   | 0,019 *      |

Signif, codes: 0 '\*\*\*' 0,001 '\*\*' 0,01 '\*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Anexo 5. Salidas de las pruebas de permutaciones de los Análisis de Correspondencia Canónica (CCA) en R, de la influencia de las variables ambientales en los patrones de la comunidad de hongos. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| Variabes    | ChiSquare | F      | Pr(>F)    | Pr(>F) Model |
|-------------|-----------|--------|-----------|--------------|
| Elevación   | 0,8113    | 1,7759 | 0,001 *** | 0,001 ***    |
| Temperatura | 0,7858    | 1,7129 | 0,001 *** | 0,001 ***    |
| Arena       | 0,5427    | 1,0943 | 0,166     | 0,196        |
| Limo        | 0,467     | 0,9274 | 0,693     | 0,698        |
| Arcilla     | 0,5286    | 1,0628 | 0,269     | 0,272        |
| pH          | 0,7988    | 1,6982 | 0,001 *** | 0,001 ***    |
| Carbono     | 0,6761    | 1,401  | 0,006 **  | 0,011 *      |
| Nitrógeno   | 0,7717    | 1,6312 | 0,001 *** | 0,001 ***    |
| Relación CN | 0,7304    | 1,5307 | 0,003 *** | 0,004 **     |
| Acidez      | 0,4834    | 0,9633 | 0,564     | 0,565        |
| Aluminio    | 0,5001    | 0,9997 | 0,486     | 0,482        |
| Calcio      | 0,6704    | 1,3874 | 0,008 **  | 0,009 **     |
| Magnesio    | 0,7153    | 1,4942 | 0,005 **  | 0,006 **     |
| Potasio     | 0,7081    | 1,4771 | 0,005 **  | 0,003 **     |
| CICE        | 0,4947    | 0,988  | 0,516     | 0,497        |
| SA          | 0,5975    | 1,2182 | 0,055 .   | 0,059 .      |
| Fósforo     | 0,5266    | 1,0584 | 0,378     | 0,388        |
| Zinc        | 0,5065    | 1,0139 | 0,418     | 0,408        |
| Hierro      | 0,4416    | 0,8726 | 0,843     | 0,84         |
| Manganeso   | 0,647     | 1,3325 | 0,02 *    | 0,019 *      |

Signif, codes: 0 '\*\*\*' 0,001 '\*\*' 0,01 '\*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Anexo 6. Resultados del análisis SIMPER para bacterias. Taxonomía: k-reino, p-filo, c-clase, o-orden, f-familia, g-género, s-especie. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| OTU     | Taxonomía               | Dis. Prom. | Contrib. % | Acum. % | Media Ex | Media bp-P | Media bn.A | Media bn.O |
|---------|-------------------------|------------|------------|---------|----------|------------|------------|------------|
| Otu0001 | o_Ellin6513             | 2,141      | 4,614      | 4,614   | 322      | 657        | 954        | 249        |
| Otu0004 | f_Koribacteraceae       | 1,175      | 2,533      | 7,147   | 172      | 181        | 266        | 655        |
| Otu0003 | g_Rhodoplanes           | 1,083      | 2,334      | 9,482   | 317      | 178        | 242        | 606        |
| Otu0002 | f_Rhodospirillaceae     | 1,04       | 2,242      | 11,72   | 617      | 394        | 348        | 216        |
| Otu0007 | g_Candidatus_Solibacter | 0,7967     | 1,717      | 13,44   | 113      | 174        | 366        | 78         |
| Otu0005 | c_TM1                   | 0,781      | 1,683      | 15,12   | 122      | 186        | 387        | 165        |
| Otu0009 | g_Candidatus_Solibacter | 0,6421     | 1,384      | 16,51   | 273      | 203        | 126        | 40,3       |
| Otu0011 | o_Ellin6513             | 0,5905     | 1,272      | 17,78   | 106      | 95,8       | 281        | 84,7       |
| Otu0018 | f_Rhodospirillaceae     | 0,5855     | 1,262      | 19,04   | 17,8     | 143        | 203        | 23,3       |
| Otu0020 | g_DA101                 | 0,5059     | 1,09       | 20,13   | 89,8     | 181        | 41,8       | 6          |
| Otu0014 | g_Planctomyces          | 0,5046     | 1,087      | 21,22   | 179      | 165        | 46,3       | 43,3       |
| Otu0024 | g_Candidatus_Koribacter | 0,46       | 0,9913     | 22,21   | 124      | 150        | 33         | 6,67       |
| Otu0012 | o_iii1-15               | 0,4302     | 0,9272     | 23,14   | 80,8     | 196        | 103        | 33,3       |
| Otu0026 | f_Rhodospirillaceae     | 0,4217     | 0,9088     | 24,05   | 142      | 112        | 43,8       | 8          |
| Otu0023 | g_DA101                 | 0,4135     | 0,8911     | 24,94   | 34       | 158        | 82         | 13         |
| Otu0046 | p_GAL15                 | 0,4041     | 0,871      | 25,81   | 4,75     | 14,3       | 155        | 23,3       |
| Otu0035 | p_WPS-2                 | 0,3865     | 0,8328     | 26,64   | 148      | 24,3       | 31         | 78,7       |
| Otu0008 | f_Isosphaeraceae        | 0,3737     | 0,8054     | 27,45   | 94,8     | 165        | 181        | 231        |
| Otu0006 | f_Sinobacteraceae       | 0,3577     | 0,7709     | 28,22   | 245      | 226        | 151        | 150        |
| Otu0032 | p_WPS-2                 | 0,3392     | 0,7309     | 28,95   | 117      | 100        | 46,8       | 9,67       |
| Otu0019 | g_Rhodoplanes           | 0,3277     | 0,7061     | 29,65   | 28,5     | 125        | 114        | 136        |
| Otu0022 | o_Rhizobiales           | 0,3233     | 0,6966     | 30,35   | 64,3     | 57         | 78         | 186        |
| Otu0041 | g_DA101                 | 0,3025     | 0,6519     | 31      | 42       | 102        | 1,5        | 0          |
| Otu0039 | o_Ellin6513             | 0,3015     | 0,6497     | 31,65   | 16,3     | 45         | 121        | 30,7       |
| Otu0016 | f_Syntrophobacteraceae  | 0,2997     | 0,6459     | 32,3    | 189      | 109        | 88,5       | 125        |
| Otu0038 | g_Candidatus_Koribacter | 0,2932     | 0,6318     | 32,93   | 65,8     | 14,8       | 45,3       | 116        |
| Otu0049 | f_Thermomonosporaceae   | 0,289      | 0,6227     | 33,55   | 5,75     | 7,75       | 21,3       | 129        |
| Otu0013 | f_Rhodospirillaceae     | 0,2881     | 0,6208     | 34,17   | 90,8     | 157        | 134        | 64,3       |
| Otu0010 | o_Rhizobiales           | 0,2872     | 0,619      | 34,79   | 154      | 125        | 92,8       | 165        |
| Otu0025 | s_iriomotensis          | 0,2838     | 0,6115     | 35,4    | 92,8     | 50         | 74,8       | 149        |
| Otu0030 | g_Candidatus_Koribacter | 0,2737     | 0,5899     | 35,99   | 54,5     | 85,8       | 130        | 32,3       |
| Otu0017 | f_Koribacteraceae       | 0,273      | 0,5883     | 36,58   | 167      | 122        | 106        | 63         |

|         |                                 |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|---------------------------------|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0037 | g__Nitrospira                   | 0,2713 | 0,5847 | 37,17 | 91   | 61   | 38,5 | 5     |
| Otu0015 | o__Ellin6513                    | 0,2641 | 0,5691 | 37,74 | 111  | 87   | 114  | 191   |
| Otu0067 | f__Koribacteraceae              | 0,2573 | 0,5546 | 38,29 | 3    | 6    | 29,8 | 107   |
| Otu0028 | o__Solibacterales               | 0,2484 | 0,5354 | 38,83 | 68,5 | 53,3 | 84   | 150   |
| Otu0051 | o__Ellin6513                    | 0,2452 | 0,5284 | 39,36 | 27,5 | 8,75 | 21,5 | 111   |
| Otu0048 | f__auto67_4W                    | 0,2419 | 0,5214 | 39,88 | 27   | 15,5 | 13,5 | 113   |
| Otu0063 | o__Ellin6513                    | 0,2389 | 0,5148 | 40,39 | 11,3 | 2,5  | 46,8 | 90,3  |
| Otu0029 | f__Bradyrhizobiaceae            | 0,2218 | 0,4779 | 40,87 | 81,5 | 106  | 44,5 | 72,3  |
| Otu0034 | g__Candidatus_Solibacter        | 0,2176 | 0,4689 | 41,34 | 51,3 | 104  | 51,5 | 24    |
| Otu0065 | o__Ellin6513                    | 0,2171 | 0,4678 | 41,81 | 65,5 | 29,8 | 3,25 | 53    |
| Otu0031 | g__Rhodoplanes                  | 0,2157 | 0,4648 | 42,27 | 59,5 | 100  | 80,3 | 30,3  |
| Otu0021 | g__Candidatus_Koribacter        | 0,2152 | 0,4638 | 42,73 | 75   | 105  | 114  | 56,7  |
| Otu0033 | p__WPS-2                        | 0,213  | 0,459  | 43,19 | 107  | 40,5 | 72,8 | 65    |
| Otu0062 | f__Thermogemmatissporaceae      | 0,2108 | 0,4543 | 43,65 | 74   | 35,3 | 12,3 | 0,667 |
| Otu0066 | o__Ellin6513                    | 0,2056 | 0,4432 | 44,09 | 13,5 | 72,3 | 7    | 0     |
| Otu0076 | c__Betaproteobacteria           | 0,2004 | 0,4319 | 44,52 | 3    | 39   | 70   | 8,33  |
| Otu0052 | c__Acidobacteria-5              | 0,1973 | 0,4252 | 44,95 | 8,5  | 64,5 | 55,8 | 5,33  |
| Otu0044 | g__Candidatus_Xiphinematobacter | 0,197  | 0,4245 | 45,37 | 55,5 | 76   | 32   | 5     |
| Otu0069 | o__Rhizobiales                  | 0,1943 | 0,4188 | 45,79 | 4,5  | 15   | 21   | 88    |
| Otu0036 | o__Myxococcales                 | 0,1886 | 0,4064 | 46,2  | 90   | 60,5 | 20,8 | 58,7  |
| Otu0055 | o__CCU21                        | 0,1865 | 0,4019 | 46,6  | 4,75 | 19,8 | 30,3 | 81    |
| Otu0139 | o__Bacillales                   | 0,1853 | 0,3993 | 47    | 69,3 | 5,75 | 0,75 | 0     |
| Otu0043 | g__Candidatus_Koribacter        | 0,1842 | 0,397  | 47,4  | 79   | 58   | 38,8 | 9,33  |
| Otu0082 | p__GAL15                        | 0,1817 | 0,3916 | 47,79 | 10,3 | 21,3 | 71,5 | 5,67  |
| Otu0085 | f__Koribacteraceae              | 0,1783 | 0,3841 | 48,17 | 7,5  | 6    | 10,5 | 81,3  |
| Otu0131 | o__Ellin6513                    | 0,1718 | 0,3703 | 48,54 | 65,8 | 2,75 | 4,75 | 11,3  |
| Otu0097 | f__Koribacteraceae              | 0,1713 | 0,3692 | 48,91 | 67,3 | 16,5 | 8    | 4     |
| Otu0107 | s__tuberum                      | 0,1711 | 0,3686 | 49,28 | 66,3 | 11,8 | 4,25 | 15,3  |
| Otu0047 | g__Rhodoplanes                  | 0,1708 | 0,3681 | 49,65 | 46   | 65,5 | 41   | 6     |
| Otu0071 | f__Koribacteraceae              | 0,1705 | 0,3675 | 50,02 | 10,3 | 30,8 | 66,5 | 10,7  |
| Otu0075 | f__Gemmataceae                  | 0,1646 | 0,3546 | 50,37 | 5,75 | 53,5 | 38,5 | 1,67  |
| Otu0110 | f__Sinobacteraceae              | 0,1642 | 0,3538 | 50,72 | 3    | 3,5  | 60,8 | 15,7  |
| Otu0053 | p__GAL15                        | 0,1628 | 0,3507 | 51,07 | 62   | 45,3 | 40   | 3     |
| Otu0061 | f__Gemmataceae                  | 0,1611 | 0,3473 | 51,42 | 12,3 | 21   | 66,5 | 43,7  |
| Otu0040 | f__Sinobacteraceae              | 0,1601 | 0,3449 | 51,77 | 66,5 | 30,8 | 47,5 | 77    |
| Otu0060 | g__Rhodoplanes                  | 0,1577 | 0,3398 | 52,11 | 7    | 24,5 | 47,8 | 62,3  |
| Otu0068 | g__Planctomyces                 | 0,1577 | 0,3398 | 52,45 | 15,5 | 14,8 | 23,3 | 78    |
| Otu0056 | o__WD2101                       | 0,1574 | 0,3392 | 52,79 | 24,8 | 21   | 18,5 | 77,3  |

|         |                            |         |        |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------|---------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0102 | f__Rhodospirillaceae       | 0,1559  | 0,3361 | 53,12 | 0    | 2,25 | 49,8 | 27,7  |
| Otu0054 | o__11-24                   | 0,1549  | 0,3339 | 53,46 | 30,3 | 62   | 29   | 5,33  |
| Otu0106 | o__Ellin6513               | 0,1539  | 0,3316 | 53,79 | 38   | 0,5  | 9,75 | 40,7  |
| Otu0090 | f__Rhodospirillaceae       | 0,1531  | 0,3299 | 54,12 | 17   | 9    | 8,25 | 72    |
| Otu0164 | o__Ellin329                | 0,1496  | 0,3224 | 54,44 | 57,3 | 3    | 1,75 | 1     |
| Otu0045 | f__Ellin515                | 0,1482  | 0,3193 | 54,76 | 64,3 | 59,5 | 30,3 | 20,3  |
| Otu0077 | f__Gemmataceae             | 0,1421  | 0,3063 | 55,07 | 3,25 | 44   | 41,3 | 8     |
| Otu0073 | p__WPS-2                   | 0,137   | 0,2951 | 55,36 | 58,8 | 27,3 | 29,5 | 8,33  |
| Otu0027 | o__Solibacterales          | 0,1359  | 0,2929 | 55,65 | 99   | 72,5 | 81   | 105   |
| Otu0080 | f__Sinobacteraceae         | 0,1355  | 0,292  | 55,95 | 36   | 10,5 | 11,3 | 57,3  |
| Otu0081 | g__Pedomicrobium           | 0,1348  | 0,2905 | 56,24 | 7,25 | 26,8 | 39   | 16,7  |
| Otu0104 | f__Acidobacteriaceae       | 0,1343  | 0,2895 | 56,53 | 50,3 | 17,3 | 2,75 | 15,3  |
| Otu0058 | o__Ellin6513               | 0,1322  | 0,2849 | 56,81 | 16,3 | 55,8 | 31   | 30    |
| Otu0109 | p__WPS-2                   | 0,1188  | 0,2561 | 57,07 | 50,3 | 12,8 | 7    | 8,33  |
| Otu0116 | f__RB40                    | 0,1186  | 0,2557 | 57,32 | 46,5 | 12,3 | 12   | 3,67  |
| Otu0042 | g__Candidatus_Solibacter   | 0,1183  | 0,255  | 57,58 | 70,3 | 53,3 | 42,8 | 34    |
| Otu0132 | f__Koribacteraceae         | 0,1178  | 0,2538 | 57,83 | 0,5  | 5,25 | 30   | 36    |
| Otu0187 | f__Koribacteraceae         | 0,1161  | 0,2503 | 58,08 | 0    | 0,25 | 44   | 1,67  |
| Otu0072 | c__Acidobacteria-5         | 0,1155  | 0,2489 | 58,33 | 35,5 | 46,5 | 11   | 13,7  |
| Otu0165 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,1139  | 0,2454 | 58,58 | 0    | 0    | 35,3 | 20,3  |
| Otu0079 | f__Rhodospirillaceae       | 0,1113  | 0,2398 | 58,82 | 42,5 | 11   | 20,8 | 45,7  |
| Otu0100 | o__MLE1-12                 | 0,1106  | 0,2384 | 59,05 | 0,25 | 39,8 | 12,3 | 5,33  |
| Otu0128 | f__auto67_4W               | 0,1106  | 0,2384 | 59,29 | 8,25 | 1,75 | 9,25 | 48    |
| Otu0093 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,11    | 0,237  | 59,53 | 33   | 33,8 | 12   | 2,67  |
| Otu0186 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,1084  | 0,2337 | 59,76 | 40   | 5,25 | 0    | 0     |
| Otu0050 | f__Koribacteraceae         | 0,1081  | 0,2331 | 60    | 41,8 | 51   | 43,5 | 16,7  |
| Otu0086 | c__TM1                     | 0,1075  | 0,2316 | 60,23 | 14,8 | 30,3 | 40,5 | 5     |
| Otu0059 | f__Isosphaeraceae          | 0,106   | 0,2285 | 60,46 | 35,5 | 52,3 | 17   | 20,3  |
| Otu0064 | f__Thermomonosporaceae     | 0,1059  | 0,2283 | 60,68 | 43,3 | 30   | 18,3 | 34,3  |
| Otu0178 | o__CCU21                   | 0,1053  | 0,227  | 60,91 | 0,5  | 3,75 | 39,5 | 2,67  |
| Otu0111 | f__Gemmataceae             | 0,105   | 0,2262 | 61,14 | 1,25 | 8    | 14,3 | 44,3  |
| Otu0142 | p__WPS-2                   | 0,1049  | 0,226  | 61,36 | 4,25 | 1,75 | 8,75 | 44,7  |
| Otu0136 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,1039  | 0,2239 | 61,59 | 10   | 4,5  | 41,5 | 5,67  |
| Otu0115 | o__iii1-15                 | 0,1034  | 0,2229 | 61,81 | 5    | 28,8 | 25,5 | 0,667 |
| Otu0098 | f__Ellin515                | 0,09688 | 0,2088 | 62,02 | 11,5 | 30,5 | 33,5 | 2,67  |
| Otu0140 | o__[Pedosphaerales]        | 0,09627 | 0,2075 | 62,23 | 36,5 | 15   | 2,25 | 13    |
| Otu0147 | o__Solibacterales          | 0,09627 | 0,2075 | 62,43 | 3,75 | 3,5  | 7,25 | 45    |



|         |                            |         |        |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------|---------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0121 | f__Koribacteraceae         | 0,095   | 0,2047 | 62,64 | 9,5  | 4,75 | 10,5 | 43    |
| Otu0089 | o__Actinomycetales         | 0,09473 | 0,2041 | 62,84 | 18,8 | 12,5 | 12,8 | 47,7  |
| Otu0150 | p__WPS-2                   | 0,09441 | 0,2035 | 63,05 | 28,3 | 20,5 | 1,25 | 0,333 |
| Otu0091 | p__FCPU426                 | 0,09331 | 0,2011 | 63,25 | 33,8 | 13,3 | 11,5 | 37,7  |
| Otu0176 | o__[Pedosphaerales]        | 0,09325 | 0,201  | 63,45 | 1,25 | 1    | 5,5  | 40,7  |
| Otu0074 | o__Ellin6513               | 0,09211 | 0,1985 | 63,65 | 37,5 | 25,3 | 15,5 | 40    |
| Otu0087 | f__Acetobacteraceae        | 0,09199 | 0,1982 | 63,84 | 40,5 | 25,3 | 8,25 | 25,7  |
| Otu0120 | f__Isosphaeraceae          | 0,08952 | 0,1929 | 64,04 | 14,5 | 28,8 | 6    | 0,333 |
| Otu0094 | g__Candidatus_Solibacter   | 0,08904 | 0,1919 | 64,23 | 25   | 30   | 22,8 | 3,33  |
| Otu0195 | o__Ellin6513               | 0,08674 | 0,1869 | 64,42 | 30,3 | 0    | 2    | 9     |
| Otu0126 | f__0319-6A21               | 0,08663 | 0,1867 | 64,6  | 3,25 | 23,8 | 24,8 | 1     |
| Otu0135 | s__massiliensis            | 0,08606 | 0,1855 | 64,79 | 32,8 | 16,8 | 3,5  | 5,33  |
| Otu0154 | f__Sinobacteraceae         | 0,0858  | 0,1849 | 64,97 | 5    | 4    | 5,75 | 39,3  |
| Otu0070 | f__Rhodospirillaceae       | 0,08534 | 0,1839 | 65,16 | 46   | 19,5 | 37,8 | 43,3  |
| Otu0078 | f__Gemmataceae             | 0,08476 | 0,1827 | 65,34 | 4,5  | 30,3 | 32,8 | 25,3  |
| Otu0184 | p__WPS-2                   | 0,08404 | 0,1811 | 65,52 | 1,25 | 0,5  | 6,5  | 36    |
| Otu0156 | f__Rhodospirillaceae       | 0,08379 | 0,1806 | 65,7  | 36,5 | 8,5  | 6,5  | 6,67  |
| Otu0181 | o__Ellin6513               | 0,08326 | 0,1794 | 65,88 | 0    | 0    | 7    | 34,7  |
| Otu0105 | p__WPS-2                   | 0,0826  | 0,178  | 66,06 | 33,8 | 23,8 | 7,25 | 13,7  |
| Otu0143 | p__Actinobacteria          | 0,08194 | 0,1766 | 66,24 | 33,3 | 11,5 | 16,8 | 5,33  |
| Otu0057 | p__WPS-2                   | 0,08129 | 0,1752 | 66,41 | 23,3 | 42,5 | 43,3 | 29,7  |
| Otu0092 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,08112 | 0,1748 | 66,59 | 33,5 | 16,3 | 26,8 | 14    |
| Otu0118 | f__NB1-i                   | 0,08109 | 0,1748 | 66,76 | 35,8 | 14,5 | 15,3 | 4     |
| Otu0161 | f__Gemmataceae             | 0,08044 | 0,1733 | 66,93 | 0    | 27,8 | 10   | 0,667 |
| Otu0099 | f__Rhodospirillaceae       | 0,07849 | 0,1692 | 67,1  | 27,3 | 24,5 | 8    | 3,33  |
| Otu0084 | s__vanniellii              | 0,07835 | 0,1689 | 67,27 | 19,8 | 33   | 33   | 11,3  |
| Otu0158 | f__Gemmataceae             | 0,07752 | 0,1671 | 67,44 | 0    | 25,3 | 14   | 3,33  |
| Otu0101 | f__auto67_4W               | 0,07688 | 0,1657 | 67,6  | 24   | 21   | 7,5  | 23,7  |
| Otu0218 | f__Acidobacteriaceae       | 0,07583 | 0,1634 | 67,77 | 0,75 | 0    | 2,75 | 33,7  |
| Otu0199 | o__Ellin6513               | 0,07527 | 0,1622 | 67,93 | 0    | 0    | 8    | 29,7  |
| Otu0141 | o__Myxococcales            | 0,07503 | 0,1617 | 68,09 | 6    | 23,3 | 16,3 | 0     |
| Otu0334 | f__Rhodospirillaceae       | 0,07285 | 0,157  | 68,25 | 27,3 | 0    | 0,5  | 1     |
| Otu0163 | f__Koribacteraceae         | 0,0725  | 0,1562 | 68,41 | 4    | 5,5  | 4,75 | 30,3  |
| Otu0198 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,07239 | 0,156  | 68,56 | 25,3 | 8,25 | 0    | 0     |
| Otu0113 | g__Rhodoplanes             | 0,07211 | 0,1554 | 68,72 | 7,5  | 28   | 12   | 1,33  |
| Otu0114 | f__Koribacteraceae         | 0,07192 | 0,155  | 68,87 | 7,5  | 16   | 30,8 | 11,3  |
| Otu0342 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,07185 | 0,1548 | 69,03 | 0,5  | 0,5  | 27,3 | 1     |
| Otu0083 | f__Gemmataceae             | 0,07174 | 0,1546 | 69,18 | 30,8 | 30,3 | 24,3 | 10    |

|         |                          |         |        |       |      |      |      |       |
|---------|--------------------------|---------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0096 | o__JG30-KF-AS9           | 0,07138 | 0,1538 | 69,34 | 34,5 | 23,3 | 22,3 | 14    |
| Otu0134 | o__Ellin6513             | 0,0709  | 0,1528 | 69,49 | 5,25 | 12,5 | 13   | 34    |
| Otu0137 | f__EB1003                | 0,07041 | 0,1517 | 69,64 | 1,25 | 22,5 | 19,5 | 5,33  |
| Otu0117 | o__32-20                 | 0,07027 | 0,1514 | 69,79 | 12,5 | 22,8 | 10,3 | 1,67  |
| Otu0122 | f__Koribacteraceae       | 0,0702  | 0,1513 | 69,94 | 30,5 | 16,5 | 12,5 | 4     |
| Otu0153 | g__Candidatus_Solibacter | 0,06957 | 0,1499 | 70,09 | 9,75 | 4,5  | 12,8 | 31    |
| Otu0175 | c__Ktedonobacteria       | 0,06906 | 0,1488 | 70,24 | 4,25 | 14,8 | 23   | 0     |
| Otu0108 | f__Acidobacteriaceae     | 0,06886 | 0,1484 | 70,39 | 25,5 | 23,3 | 4,75 | 26,7  |
| Otu0281 | f__Sinobacteraceae       | 0,06881 | 0,1483 | 70,54 | 0    | 0,75 | 25,8 | 2,33  |
| Otu0180 | f__Syntrophobacteraceae  | 0,06843 | 0,1475 | 70,69 | 4,25 | 2,5  | 18,8 | 19    |
| Otu0145 | f__Sinobacteraceae       | 0,06825 | 0,1471 | 70,83 | 12,5 | 9,75 | 4    | 27,3  |
| Otu0279 | c__EC1113                | 0,06803 | 0,1466 | 70,98 | 0,5  | 0,25 | 25,5 | 2,67  |
| Otu0095 | o__iii1-15               | 0,06768 | 0,1459 | 71,12 | 8,75 | 27   | 24,5 | 12    |
| Otu0173 | o__Ellin329              | 0,06767 | 0,1458 | 71,27 | 8,25 | 3,25 | 2,5  | 30,7  |
| Otu0172 | f__Gemmataceae           | 0,06631 | 0,1429 | 71,41 | 0    | 23,5 | 6,75 | 0,667 |
| Otu0127 | o__Ellin6513             | 0,06622 | 0,1427 | 71,56 | 4,25 | 19,8 | 23,8 | 12,7  |
| Otu0189 | o__Ellin6513             | 0,06587 | 0,142  | 71,7  | 5,5  | 23,5 | 0    | 1,33  |
| Otu0144 | p__Proteobacteria        | 0,06546 | 0,1411 | 71,84 | 1,5  | 18   | 7,75 | 23    |
| Otu0217 | g__Opitutus              | 0,06512 | 0,1403 | 71,98 | 2,5  | 1,25 | 1,75 | 29,7  |
| Otu0119 | p__WPS-2                 | 0,06432 | 0,1386 | 72,12 | 15,8 | 18,5 | 24   | 0     |
| Otu0149 | f__Ktedonobacteraceae    | 0,06371 | 0,1373 | 72,26 | 20,5 | 10   | 23,3 | 4,33  |
| Otu0124 | c__TM1                   | 0,06369 | 0,1373 | 72,39 | 18   | 8,75 | 9,5  | 30,7  |
| Otu0288 | o__Ellin6513             | 0,06354 | 0,1369 | 72,53 | 0    | 1,5  | 23,8 | 2     |
| Otu0112 | f__Gemmataceae           | 0,06348 | 0,1368 | 72,67 | 16,5 | 26,5 | 18,8 | 6     |
| Otu0088 | g__Candidatus_Solibacter | 0,06347 | 0,1368 | 72,8  | 14,5 | 27   | 28,5 | 15,7  |
| Otu0146 | f__Rhodospirillaceae     | 0,06344 | 0,1367 | 72,94 | 16,5 | 11   | 16   | 13,3  |
| Otu0325 | o__Rhodospirillales      | 0,06335 | 0,1365 | 73,08 | 24   | 0,5  | 2    | 1,33  |
| Otu0182 | g__Opitutus              | 0,06326 | 0,1363 | 73,21 | 7,5  | 3,75 | 2,25 | 27,7  |
| Otu0138 | f__Koribacteraceae       | 0,06293 | 0,1356 | 73,35 | 1    | 8,75 | 13,5 | 25,7  |
| Otu0227 | f__Syntrophobacteraceae  | 0,06261 | 0,1349 | 73,48 | 23,3 | 1,25 | 4,75 | 7,33  |
| Otu0157 | o__Rhizobiales           | 0,06256 | 0,1348 | 73,62 | 14,5 | 17,5 | 4    | 0,333 |
| Otu0196 | o__Solibacterales        | 0,06229 | 0,1342 | 73,75 | 3,75 | 1,75 | 5    | 28    |
| Otu0129 | o__Actinomycetales       | 0,06219 | 0,134  | 73,89 | 18,3 | 10,5 | 5,5  | 22,3  |
| Otu0372 | g__Pedomicrobium         | 0,06138 | 0,1323 | 74,02 | 0    | 0    | 23,5 | 0     |
| Otu0213 | c__TM1                   | 0,06132 | 0,1322 | 74,15 | 2,5  | 6    | 23,3 | 1,67  |
| Otu0168 | f__EB1003                | 0,06118 | 0,1318 | 74,28 | 1,25 | 22   | 3,5  | 0     |
| Otu0310 | k__Bacteria              | 0,06086 | 0,1312 | 74,41 | 0    | 0    | 23   | 0,667 |
| Otu0268 | o__Bacillales            | 0,06074 | 0,1309 | 74,54 | 22   | 6,5  | 0    | 2,67  |
| Otu0269 | f__Gemmataceae           | 0,06061 | 0,1306 | 74,68 | 23,3 | 3,25 | 1,5  | 1,67  |

|         |                                     |         |        |       |      |      |      |       |
|---------|-------------------------------------|---------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0133 | c__TM1                              | 0,06026 | 0,1299 | 74,81 | 16,8 | 24   | 13,8 | 2,33  |
| Otu0203 | f__Pirellulaceae                    | 0,0599  | 0,1291 | 74,93 | 22,3 | 8    | 1    | 2,33  |
| Otu0225 | o__WD2101                           | 0,05971 | 0,1287 | 75,06 | 0,5  | 1    | 5    | 25,3  |
| Otu0170 | c__Betaproteobacteria               | 0,0594  | 0,128  | 75,19 | 2,5  | 19,5 | 5,75 | 3     |
| Otu0155 | f__Chitinophagaceae                 | 0,05815 | 0,1253 | 75,32 | 9,75 | 7,25 | 5,5  | 24,7  |
| Otu0130 | g__Candidatus_Xiphinema<br>tobacter | 0,05799 | 0,125  | 75,44 | 5    | 23,3 | 12,8 | 8,33  |
| Otu0167 | o__iii1-15                          | 0,05784 | 0,1246 | 75,57 | 5,75 | 17   | 6,25 | 0     |
| Otu0123 | c__Betaproteobacteria               | 0,05773 | 0,1244 | 75,69 | 5,25 | 18,5 | 21   | 4     |
| Otu0208 | g__Burkholderia                     | 0,05677 | 0,1223 | 75,81 | 16,5 | 4,75 | 3    | 16    |
| Otu0169 | o__MLE1-12                          | 0,05666 | 0,1221 | 75,93 | 3,75 | 3,75 | 11   | 25,3  |
| Otu0230 | o__Ellin6513                        | 0,05612 | 0,1209 | 76,06 | 5,5  | 0,25 | 17   | 9     |
| Otu0103 | o__Actinomycetales                  | 0,05548 | 0,1196 | 76,18 | 11,3 | 14,5 | 18,5 | 32    |
| Otu0162 | o__Myxococcales                     | 0,05511 | 0,1188 | 76,29 | 4,25 | 10,3 | 21   | 11,3  |
| Otu0238 | f__Isosphaeraceae                   | 0,05499 | 0,1185 | 76,41 | 21,3 | 2,25 | 4    | 1,67  |
| Otu0151 | g__Candidatus_Solibacter            | 0,05493 | 0,1184 | 76,53 | 4,5  | 9    | 9,5  | 27    |
| Otu0174 | g__Candidatus_Koribacter            | 0,05466 | 0,1178 | 76,65 | 9,5  | 19   | 5,5  | 0,667 |
| Otu0239 | o__Rhodospirillales                 | 0,0543  | 0,117  | 76,77 | 19,5 | 3,5  | 1,25 | 10    |
| Otu0338 | f__Rhodospirillaceae                | 0,05376 | 0,1159 | 76,88 | 16,8 | 0,75 | 0,25 | 10    |
| Otu0393 | f__Gemmataceae                      | 0,05361 | 0,1155 | 77    | 20,3 | 0,25 | 0,5  | 0     |
| Otu0232 | f__RB40                             | 0,05321 | 0,1147 | 77,11 | 17   | 3,5  | 6,75 | 6,67  |
| Otu0221 | s__massiliensis                     | 0,0527  | 0,1136 | 77,23 | 2,75 | 3,25 | 1,25 | 24    |
| Otu0312 | o__Streptophyta                     | 0,0519  | 0,1118 | 77,34 | 18,3 | 2    | 3,5  | 6     |
| Otu0264 | f__Caulobacteraceae                 | 0,05176 | 0,1115 | 77,45 | 20,8 | 4,25 | 1,75 | 4,67  |
| Otu0194 | f__Thermogemmatissporac<br>eae      | 0,05174 | 0,1115 | 77,56 | 5,5  | 10,8 | 17,8 | 2,33  |
| Otu0197 | g__Rhodoplanes                      | 0,05168 | 0,1114 | 77,67 | 18   | 9,75 | 0,75 | 2,33  |
| Otu0183 | o__Ellin6513                        | 0,05165 | 0,1113 | 77,78 | 16,3 | 9    | 1,75 | 4,33  |
| Otu0263 | p__GAL15                            | 0,05084 | 0,1096 | 77,89 | 0    | 0    | 0    | 23,7  |
| Otu0237 | f__Rhodospirillaceae                | 0,05047 | 0,1088 | 78    | 14,5 | 9,5  | 0,5  | 0     |
| Otu0459 | s__ruber                            | 0,05047 | 0,1088 | 78,11 | 19,3 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0216 | o__Ellin6513                        | 0,04974 | 0,1072 | 78,22 | 4,75 | 10   | 18,3 | 0,667 |
| Otu0125 | f__Rhodospirillaceae                | 0,04897 | 0,1055 | 78,32 | 19,5 | 11,5 | 20,3 | 15,7  |
| Otu0148 | g__Mycobacterium                    | 0,04877 | 0,1051 | 78,43 | 21   | 15,3 | 6    | 10    |
| Otu0280 | o__iii1-15                          | 0,04869 | 0,1049 | 78,53 | 7    | 10   | 4,5  | 0     |
| Otu0202 | c__JG37-AG-4                        | 0,04814 | 0,1038 | 78,64 | 3,75 | 11   | 15,8 | 0,333 |
| Otu0226 | o__WD2101                           | 0,04805 | 0,1036 | 78,74 | 18,8 | 5,25 | 4    | 2,33  |
| Otu0219 | f__Sinobacteraceae                  | 0,0478  | 0,103  | 78,84 | 11,8 | 6,75 | 0,75 | 13,7  |
| Otu0241 | f__Koribacteraceae                  | 0,04767 | 0,1027 | 78,95 | 1,5  | 16,3 | 6,75 | 0     |
| Otu0236 | o__Ellin329                         | 0,04755 | 0,1025 | 79,05 | 15   | 10,3 | 0,75 | 5,33  |

|         |                            |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0193 | f__Syntrophobacteraceae    | 0,04747 | 0,1023  | 79,15 | 12,5 | 6,5  | 15,3 | 3,33  |
| Otu0283 | f__Xanthomonadaceae        | 0,04738 | 0,1021  | 79,25 | 16,5 | 6,75 | 0    | 3     |
| Otu0572 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,04693 | 0,1011  | 79,35 | 0    | 0    | 18   | 0     |
| Otu0353 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,04659 | 0,1004  | 79,45 | 1    | 3,25 | 17   | 1,67  |
| Otu0332 | o__Ellin5290               | 0,0464  | 0,09999 | 79,55 | 14,8 | 8,5  | 0    | 0     |
| Otu0287 | p__GAL15                   | 0,04639 | 0,09998 | 79,65 | 0,25 | 3,25 | 16,8 | 1,67  |
| Otu0549 | f__Ktedonobacteraceae      | 0,04617 | 0,0995  | 79,75 | 17,5 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0306 | f__Spirochaetaceae         | 0,04606 | 0,09926 | 79,85 | 0    | 0    | 3,5  | 19,3  |
| Otu0290 | c__Alphaproteobacteria     | 0,0458  | 0,0987  | 79,95 | 2,25 | 1,5  | 3    | 20    |
| Otu0333 | o__DS-18                   | 0,04568 | 0,09844 | 80,05 | 11,5 | 2,25 | 11   | 0     |
| Otu0316 | f__Syntrophobacteraceae    | 0,04532 | 0,09766 | 80,15 | 2    | 0,25 | 7,75 | 17    |
| Otu0503 | f__Acetobacteraceae        | 0,04518 | 0,09737 | 80,25 | 17,3 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0314 | c__TM1                     | 0,04506 | 0,09711 | 80,34 | 2    | 0,5  | 3,75 | 19    |
| Otu0231 | g__Candidatus_Solibacter   | 0,04476 | 0,09647 | 80,44 | 16,8 | 8,5  | 5    | 1     |
| Otu0255 | f__Rhodospirillaceae       | 0,04454 | 0,09599 | 80,53 | 0    | 0    | 4,75 | 16,7  |
| Otu0286 | f__Acidobacteriaceae       | 0,04407 | 0,09498 | 80,63 | 2,75 | 1,25 | 1,25 | 19,7  |
| Otu0171 | g__Candidatus_Solibacter   | 0,04405 | 0,09492 | 80,72 | 2,5  | 8,75 | 9    | 18,3  |
| Otu0271 | c__Ktedonobacteria         | 0,04396 | 0,09473 | 80,82 | 11   | 11,5 | 0,25 | 0     |
| Otu0250 | g__Candidatus_Solibacter   | 0,04392 | 0,09465 | 80,91 | 8,25 | 2,5  | 3    | 18,3  |
| Otu0233 | g__Acidisoma               | 0,04377 | 0,09433 | 81,01 | 9,75 | 3    | 3,25 | 18,3  |
| Otu0229 | p__WPS-2                   | 0,04377 | 0,09432 | 81,1  | 16,5 | 1,5  | 3    | 8,33  |
| Otu0152 | f__Chitinophagaceae        | 0,04308 | 0,09284 | 81,2  | 7,25 | 14,3 | 8,25 | 17,3  |
| Otu0282 | k__Bacteria                | 0,04281 | 0,09225 | 81,29 | 2,75 | 0    | 14,8 | 6     |
| Otu0224 | f__Chthonomonadaceae       | 0,04273 | 0,09209 | 81,38 | 12,3 | 10,3 | 3,5  | 0,333 |
| Otu0426 | p__WPS-2                   | 0,04238 | 0,09133 | 81,47 | 13,5 | 0    | 0,75 | 6     |
| Otu0331 | p__WPS-2                   | 0,04228 | 0,09112 | 81,56 | 15,5 | 3,75 | 1    | 5,67  |
| Otu0251 | f__Gemmatataceae           | 0,04217 | 0,09088 | 81,65 | 16,3 | 4,5  | 2    | 5,33  |
| Otu0267 | c__ABS-6                   | 0,04208 | 0,09069 | 81,74 | 6,5  | 14,5 | 2,75 | 0     |
| Otu0300 | c__Deltaproteobacteria     | 0,04208 | 0,09068 | 81,83 | 1,25 | 2,25 | 16   | 1     |
| Otu0389 | f__Caulobacteraceae        | 0,04184 | 0,09017 | 81,92 | 15,3 | 3    | 0,25 | 0     |
| Otu0305 | f__Rhodospirillaceae       | 0,04174 | 0,08996 | 82,01 | 15   | 1,75 | 3,5  | 5,33  |
| Otu0166 | f__Ellin515                | 0,04163 | 0,08971 | 82,1  | 3,5  | 16   | 8    | 12,7  |
| Otu0315 | o__WD2101                  | 0,04154 | 0,08952 | 82,19 | 0,5  | 0    | 2,75 | 17,7  |
| Otu0407 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,04133 | 0,08907 | 82,28 | 14,8 | 2,25 | 0    | 0     |
| Otu0210 | o__Rhizobiales             | 0,04133 | 0,08906 | 82,37 | 1,75 | 6    | 3,25 | 17,3  |
| Otu0192 | f__Isosphaeraceae          | 0,04126 | 0,08891 | 82,46 | 2    | 16,8 | 4,75 | 4,33  |
| Otu0177 | o__iii1-15                 | 0,04058 | 0,08746 | 82,55 | 4    | 9,75 | 15,3 | 6,33  |
| Otu0434 | o__Ellin6513               | 0,04017 | 0,08658 | 82,64 | 0    | 0    | 15   | 1     |

|         |                                 |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|---------------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0303 | o__Solibacterales               | 0,04006 | 0,08634 | 82,72 | 6,5  | 0,75 | 3,5  | 15    |
| Otu0383 | f__Rhodospirillaceae            | 0,04005 | 0,08632 | 82,81 | 0    | 0,25 | 2,75 | 17    |
| Otu0190 | f__Gemmataceae                  | 0,03999 | 0,08618 | 82,89 | 3    | 10,5 | 10   | 15,7  |
| Otu0313 | f__Haliangiaceae                | 0,03984 | 0,08585 | 82,98 | 14,3 | 5    | 0,25 | 1,67  |
| Otu0425 | g__Cupriavidus                  | 0,03964 | 0,08543 | 83,07 | 14,5 | 2,25 | 0,25 | 0,333 |
| Otu0370 | f__Gemmataceae                  | 0,03942 | 0,08495 | 83,15 | 13   | 6,5  | 1,5  | 0,333 |
| Otu0329 | o__Rhizobiales                  | 0,03912 | 0,0843  | 83,23 | 1,25 | 3,25 | 1,25 | 17    |
| Otu0205 | c__ABS-6                        | 0,03909 | 0,08424 | 83,32 | 9,75 | 12,5 | 6,75 | 0,667 |
| Otu0211 | o__B07_WMSP1                    | 0,03906 | 0,08418 | 83,4  | 12   | 11,5 | 3,25 | 2     |
| Otu0240 | f__Gemmataceae                  | 0,03894 | 0,08391 | 83,49 | 1,5  | 1,5  | 8    | 13    |
| Otu0352 | f__Acidobacteriaceae            | 0,03891 | 0,08385 | 83,57 | 13,3 | 5,5  | 0,25 | 1     |
| Otu0335 | f__Thermogemmatissporaceae      | 0,03872 | 0,08344 | 83,65 | 0,75 | 2,25 | 14,5 | 1,33  |
| Otu0385 | k__Bacteria                     | 0,03861 | 0,08321 | 83,74 | 1,5  | 3,5  | 13,5 | 0     |
| Otu0362 | g__Phenylobacterium             | 0,03851 | 0,083   | 83,82 | 14,3 | 3,25 | 0    | 3,33  |
| Otu0421 | g__Burkholderia                 | 0,03849 | 0,08295 | 83,9  | 13,5 | 3,5  | 0    | 0     |
| Otu0235 | o__32-20                        | 0,03791 | 0,0817  | 83,98 | 2,75 | 13,5 | 1,25 | 0     |
| Otu0262 | g__Gemmata                      | 0,03766 | 0,08115 | 84,07 | 1,75 | 3,5  | 6,25 | 16,3  |
| Otu0322 | f__Isosphaeraceae               | 0,03724 | 0,08025 | 84,15 | 13,8 | 2,75 | 0,25 | 5,33  |
| Otu0266 | o__Solibacterales               | 0,03617 | 0,07795 | 84,22 | 4,5  | 12,8 | 1    | 4,33  |
| Otu0274 | o__MLE1-12                      | 0,03577 | 0,07709 | 84,3  | 2    | 2    | 4,25 | 16    |
| Otu0291 | k__Bacteria                     | 0,03564 | 0,07681 | 84,38 | 8    | 10,8 | 0    | 0     |
| Otu0373 | o__Rhodospirillales             | 0,03526 | 0,07599 | 84,45 | 0,5  | 0,5  | 8    | 8     |
| Otu0415 | f__Rhodospirillaceae            | 0,03513 | 0,07571 | 84,53 | 0,25 | 2    | 12,5 | 0,667 |
| Otu0397 | f__EB1003                       | 0,03509 | 0,07562 | 84,61 | 0    | 6,25 | 8,75 | 0     |
| Otu0272 | o__Myxococcales                 | 0,03504 | 0,07552 | 84,68 | 2    | 3    | 2    | 16    |
| Otu0417 | o__MLE1-12                      | 0,03485 | 0,0751  | 84,76 | 4,75 | 0,5  | 11,8 | 1,33  |
| Otu0292 | g__Candidatus_Xiphinematobacter | 0,03478 | 0,07495 | 84,83 | 11   | 7    | 5,25 | 0,333 |
| Otu0301 | o__Solibacterales               | 0,03471 | 0,0748  | 84,91 | 6    | 4,5  | 3,5  | 13,7  |
| Otu0302 | o__Actinomycetales              | 0,03446 | 0,07426 | 84,98 | 7,25 | 5,5  | 1,25 | 9,33  |
| Otu0324 | f__Rhodospirillaceae            | 0,03434 | 0,074   | 85,05 | 2    | 0,75 | 3,5  | 14    |
| Otu0252 | f__Gemmataceae                  | 0,03433 | 0,07399 | 85,13 | 3,75 | 2,75 | 10   | 11,7  |
| Otu0206 | o__Ellin329                     | 0,03411 | 0,07351 | 85,2  | 11,8 | 8    | 2,5  | 8,67  |
| Otu0200 | f__Rhodospirillaceae            | 0,03398 | 0,07323 | 85,27 | 5    | 14,5 | 5,5  | 4,67  |
| Otu0296 | f__Rhodospirillaceae            | 0,03382 | 0,07289 | 85,35 | 9,5  | 7,5  | 0,25 | 0     |
| Otu0349 | g__Candidatus_Solibacter        | 0,03382 | 0,07288 | 85,42 | 0,75 | 1,5  | 8,25 | 11,3  |
| Otu0278 | f__Thermogemmatissporaceae      | 0,03373 | 0,07269 | 85,49 | 7,5  | 7,75 | 2    | 0     |
| Otu0330 | f__Rhodospirillaceae            | 0,0337  | 0,07263 | 85,57 | 0    | 0    | 5,25 | 12,7  |

|         |                            |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0401 | o__WD2101                  | 0,03357 | 0,07234 | 85,64 | 0,5  | 0,75 | 2,75 | 14,3  |
| Otu0382 | f__Gemmataceae             | 0,03355 | 0,0723  | 85,71 | 0    | 2,75 | 12,3 | 2,67  |
| Otu0277 | g__Candidatus_Koribacter   | 0,03353 | 0,07226 | 85,78 | 1,75 | 12   | 4,5  | 0     |
| Otu0326 | c__Gemmatimonadetes        | 0,03346 | 0,07211 | 85,86 | 5,75 | 3,75 | 1    | 12    |
| Otu0531 | c__Ktedonobacteria         | 0,03343 | 0,07205 | 85,93 | 0    | 2    | 11,8 | 0,333 |
| Otu0359 | f__Sinobacteraceae         | 0,03337 | 0,07192 | 86    | 1,75 | 3    | 1,5  | 13,7  |
| Otu0317 | o__Ellin329                | 0,03335 | 0,07187 | 86,07 | 10,8 | 6,25 | 0,25 | 1     |
| Otu0363 | f__Gemmataceae             | 0,03335 | 0,07187 | 86,14 | 0    | 0,5  | 1,75 | 14,3  |
| Otu0259 | o__WD2101                  | 0,0333  | 0,07177 | 86,21 | 11,8 | 6,75 | 2,25 | 2,67  |
| Otu0384 | c__Gemmatimonadetes        | 0,0333  | 0,07177 | 86,29 | 10   | 4,25 | 0    | 0     |
| Otu0191 | c__Gammaproteobacteria     | 0,0333  | 0,07176 | 86,36 | 7,5  | 12   | 8,5  | 3,33  |
| Otu0522 | p__WPS-2                   | 0,03306 | 0,07126 | 86,43 | 12,5 | 0    | 0    | 0,333 |
| Otu0185 | f__Acetobacteraceae        | 0,033   | 0,07111 | 86,5  | 13   | 8,25 | 3,5  | 9     |
| Otu0248 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,03286 | 0,07081 | 86,57 | 12,8 | 6,75 | 5,5  | 1     |
| Otu0160 | f__Syntrophobacteraceae    | 0,03274 | 0,07057 | 86,64 | 12,8 | 6,5  | 13,3 | 16    |
| Otu0179 | f__Acidimicrobiaceae       | 0,03248 | 0,07    | 86,71 | 16,5 | 8    | 10   | 6,33  |
| Otu0340 | f__Rhodospirillaceae       | 0,03213 | 0,06925 | 86,78 | 9,25 | 8,5  | 1,25 | 0,333 |
| Otu0247 | o__iii1-15                 | 0,03184 | 0,06863 | 86,85 | 2    | 8    | 12   | 2     |
| Otu0276 | f__Gemmataceae             | 0,03183 | 0,0686  | 86,92 | 0    | 10,8 | 5,25 | 0,333 |
| Otu0356 | o__MLE1-12                 | 0,03154 | 0,06798 | 86,99 | 1,25 | 0,5  | 3,75 | 13    |
| Otu0285 | g__Rhodoplanes             | 0,03154 | 0,06797 | 87,05 | 8,75 | 7,75 | 1,5  | 1     |
| Otu0541 | f__Acetobacteraceae        | 0,03127 | 0,06738 | 87,12 | 0,5  | 0    | 1,25 | 13,7  |
| Otu0337 | f__Methylocystaceae        | 0,0312  | 0,06723 | 87,19 | 12   | 2,75 | 2,75 | 1     |
| Otu0207 | f__Gemmataceae             | 0,03118 | 0,06719 | 87,26 | 3,25 | 10,3 | 12,8 | 5,33  |
| Otu0458 | p__SBR1093                 | 0,03117 | 0,06718 | 87,32 | 0,5  | 2    | 11,5 | 0,333 |
| Otu0381 | f__Gemmataceae             | 0,03112 | 0,06706 | 87,39 | 1,25 | 3,75 | 11,8 | 0,667 |
| Otu0294 | f__Gemmataceae             | 0,03106 | 0,06694 | 87,46 | 3    | 11   | 7,5  | 1,67  |
| Otu0159 | o__iii1-15                 | 0,03099 | 0,06678 | 87,52 | 6,25 | 13,5 | 10,5 | 4,33  |
| Otu0371 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,03097 | 0,06674 | 87,59 | 10   | 3,75 | 0    | 0     |
| Otu0234 | o__Ellin6067               | 0,03095 | 0,0667  | 87,66 | 2,25 | 11,3 | 1    | 0     |
| Otu0429 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,03092 | 0,06665 | 87,72 | 1    | 3,25 | 9,25 | 0     |
| Otu0507 | s__japonica                | 0,03055 | 0,06584 | 87,79 | 11,5 | 0,5  | 0,25 | 0     |
| Otu0228 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,03036 | 0,06542 | 87,86 | 2    | 10,3 | 2,25 | 0     |
| Otu0336 | o__Ellin329                | 0,03026 | 0,06521 | 87,92 | 0    | 10,8 | 3,25 | 0,667 |
| Otu0260 | o__Solibacterales          | 0,03023 | 0,06515 | 87,99 | 0,5  | 3    | 8,25 | 9     |
| Otu0453 | f__Isosphaeraceae          | 0,03004 | 0,06474 | 88,05 | 11,3 | 2    | 0,25 | 0,667 |
| Otu0420 | f__Sinobacteraceae         | 0,02995 | 0,06455 | 88,11 | 0,25 | 0    | 1,5  | 13    |

|         |                            |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0215 | f__auto67_4W               | 0,0299  | 0,06444 | 88,18 | 3,25 | 6,75 | 2,5  | 13,3  |
| Otu0398 | p__WPS-2                   | 0,02972 | 0,06404 | 88,24 | 5,75 | 0,75 | 2,5  | 8,67  |
| Otu0395 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,02963 | 0,06385 | 88,31 | 0,25 | 6,75 | 6,5  | 1,33  |
| Otu0246 | p__GAL15                   | 0,02962 | 0,06383 | 88,37 | 12   | 7    | 3,5  | 5,67  |
| Otu0364 | f__Rhodospirillaceae       | 0,02942 | 0,06339 | 88,43 | 7    | 1,75 | 2    | 7,67  |
| Otu0435 | f__Rhodospirillaceae       | 0,02929 | 0,06312 | 88,5  | 0    | 0,5  | 0,75 | 13    |
| Otu0428 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,02929 | 0,06312 | 88,56 | 4,75 | 0    | 6    | 3,67  |
| Otu0451 | o__Ellin329                | 0,02929 | 0,06312 | 88,62 | 9,75 | 1,75 | 0,25 | 4     |
| Otu0600 | f__Rhodospirillaceae       | 0,02922 | 0,06296 | 88,69 | 11   | 0    | 0,25 | 0,667 |
| Otu0265 | f__Conexibacteraceae       | 0,02913 | 0,06279 | 88,75 | 5,5  | 4,75 | 4,25 | 13    |
| Otu0568 | c__Ktedonobacteria         | 0,02898 | 0,06246 | 88,81 | 0    | 0,25 | 11   | 0     |
| Otu0220 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,02865 | 0,06174 | 88,87 | 0,25 | 10,5 | 0    | 0     |
| Otu0358 | f__Rhodospirillaceae       | 0,02862 | 0,06169 | 88,94 | 1    | 2,5  | 3,25 | 11,7  |
| Otu0339 | f__Gemmataceae             | 0,0284  | 0,06121 | 89    | 11,5 | 2    | 4,5  | 2,67  |
| Otu0411 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,02833 | 0,06106 | 89,06 | 7,75 | 6,25 | 0    | 0     |
| Otu0450 | o__MLE1-12                 | 0,02828 | 0,06094 | 89,12 | 0,75 | 0,5  | 1,5  | 12,3  |
| Otu0304 | f__Syntrophobacteraceae    | 0,02821 | 0,06079 | 89,18 | 2    | 10   | 5,5  | 1,33  |
| Otu0492 | c__Gammaproteobacteria     | 0,02816 | 0,06069 | 89,24 | 9,5  | 0,5  | 0    | 4     |
| Otu0626 | f__Acetobacteraceae        | 0,02813 | 0,06062 | 89,3  | 10,5 | 0    | 0    | 0,667 |
| Otu0212 | o__Myxococcales            | 0,02813 | 0,06061 | 89,36 | 3,75 | 7,75 | 7    | 12,7  |
| Otu0651 | c__Gemmatimonadetes        | 0,0281  | 0,06055 | 89,42 | 10,8 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0289 | g__Pedosphaera             | 0,02802 | 0,06039 | 89,48 | 4,25 | 2,25 | 2    | 13    |
| Otu0275 | c__Ktedonobacteria         | 0,02791 | 0,06015 | 89,54 | 0    | 7,5  | 7,5  | 4,67  |
| Otu0243 | f__Isosphaeraceae          | 0,02789 | 0,0601  | 89,6  | 4,75 | 10,8 | 1,75 | 7     |
| Otu0320 | o__MLE1-12                 | 0,02785 | 0,06003 | 89,66 | 3,75 | 3,25 | 1,75 | 12,3  |
| Otu0223 | f__Acidobacteriaceae       | 0,02769 | 0,05968 | 89,72 | 3,5  | 10   | 2,75 | 7,67  |
| Otu0609 | g__Kaistobacter            | 0,02753 | 0,05934 | 89,78 | 10,3 | 0,75 | 0    | 0     |
| Otu0273 | f__Rhodospirillaceae       | 0,02746 | 0,05917 | 89,84 | 10   | 7,75 | 4,75 | 0,667 |
| Otu0309 | o__11-24                   | 0,02731 | 0,05885 | 89,9  | 1    | 10   | 0,75 | 0     |
| Otu0500 | o__Solibacterales          | 0,02724 | 0,0587  | 89,96 | 0,25 | 1,75 | 10   | 1     |
| Otu0449 | o__Solibacterales          | 0,02717 | 0,05856 | 90,02 | 0,75 | 1    | 0,5  | 12    |
| Otu0308 | c__Pla4                    | 0,02709 | 0,05838 | 90,08 | 5    | 8,5  | 2,5  | 7     |
| Otu0457 | o__Ellin6513               | 0,02708 | 0,05837 | 90,13 | 9,75 | 2,75 | 1,5  | 1,33  |
| Otu0455 | g__Candidatus_Solibacter   | 0,02707 | 0,05834 | 90,19 | 9,25 | 1,25 | 3,5  | 1,33  |
| Otu0293 | f__0319-6A21               | 0,02706 | 0,05831 | 90,25 | 0,75 | 10,3 | 1,25 | 1,33  |
| Otu0477 | f__Ellin515                | 0,02681 | 0,05777 | 90,31 | 0,5  | 0,75 | 3    | 11    |
| Otu0245 | g__Candidatus_Solibacter   | 0,02663 | 0,05738 | 90,37 | 3,75 | 6,75 | 3    | 11,7  |

|         |                          |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|--------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0432 | f__Rhodospirillaceae     | 0,0265  | 0,0571  | 90,42 | 0,75 | 0    | 1    | 11,7  |
| Otu0483 | c__EC1113                | 0,02648 | 0,05707 | 90,48 | 0,25 | 0    | 1,75 | 11,3  |
| Otu0402 | o__RB41                  | 0,02635 | 0,05678 | 90,54 | 1    | 7,25 | 4,25 | 0     |
| Otu0467 | f__Syntrophobacteraceae  | 0,02628 | 0,05664 | 90,59 | 0,75 | 0    | 2    | 11    |
| Otu0242 | f__Rhodospirillaceae     | 0,02621 | 0,05647 | 90,65 | 12   | 7    | 2,75 | 6     |
| Otu0253 | o__Myxococcales          | 0,02618 | 0,05643 | 90,71 | 2,5  | 8,5  | 6,5  | 0,333 |
| Otu0427 | f__Isosphaeraceae        | 0,02617 | 0,0564  | 90,76 | 8    | 6    | 0,25 | 0     |
| Otu0439 | g__FFCH10602             | 0,02609 | 0,05622 | 90,82 | 0,25 | 9,5  | 1,5  | 0     |
| Otu0487 | o__WD2101                | 0,02608 | 0,0562  | 90,87 | 0    | 0    | 0,75 | 11,7  |
| Otu0222 | f__Polyangiaceae         | 0,02599 | 0,05601 | 90,93 | 4    | 6,25 | 3,5  | 11,3  |
| Otu0258 | g__Phenylobacterium      | 0,02597 | 0,05597 | 90,99 | 10,8 | 3,5  | 3,75 | 9,67  |
| Otu0204 | f__Gemmataceae           | 0,02579 | 0,05557 | 91,04 | 5,5  | 9    | 8,5  | 9,67  |
| Otu0462 | f__Gemmataceae           | 0,02575 | 0,05549 | 91,1  | 0    | 0,25 | 0,25 | 11,7  |
| Otu0257 | o__Solibacterales        | 0,02569 | 0,05537 | 91,15 | 6,25 | 5    | 3,75 | 11    |
| Otu0295 | f__Rhodospirillaceae     | 0,02567 | 0,05531 | 91,21 | 6,75 | 5    | 7,75 | 2     |
| Otu0249 | o__FAC88                 | 0,02558 | 0,05512 | 91,26 | 10,5 | 6,5  | 5,25 | 3,67  |
| Otu0416 | f__Gemmataceae           | 0,02558 | 0,05512 | 91,32 | 0    | 0,25 | 3,5  | 10    |
| Otu0516 | f__RB40                  | 0,02555 | 0,05506 | 91,37 | 3,75 | 0    | 1    | 8,33  |
| Otu0512 | f__[Chthoniobacteraceae] | 0,0255  | 0,05496 | 91,43 | 7,25 | 3,5  | 0,75 | 0,333 |
| Otu0254 | g__Pedosphaera           | 0,02546 | 0,05487 | 91,48 | 2,25 | 5,25 | 6,25 | 11,3  |
| Otu0244 | c__BD7-11                | 0,02542 | 0,05479 | 91,54 | 2,75 | 3,5  | 3,5  | 12,3  |
| Otu0354 | f__Gemmataceae           | 0,02531 | 0,05456 | 91,59 | 9    | 3,5  | 0,5  | 2     |
| Otu0367 | o__Rhizobiales           | 0,0253  | 0,05452 | 91,65 | 3,75 | 3    | 7    | 1,33  |
| Otu0481 | g__Phenylobacterium      | 0,02525 | 0,05441 | 91,7  | 9,5  | 2    | 0,25 | 1     |
| Otu0327 | s__acidophilus           | 0,02525 | 0,05441 | 91,76 | 6,75 | 6,5  | 2    | 0,333 |
| Otu0307 | f__Gemmataceae           | 0,02523 | 0,05437 | 91,81 | 0    | 3,5  | 6,25 | 7,33  |
| Otu0323 | c__BD7-11                | 0,0252  | 0,05431 | 91,87 | 7    | 1,5  | 4,25 | 7,67  |
| Otu0201 | o__MLE1-12               | 0,02505 | 0,05399 | 91,92 | 5,5  | 10,3 | 5    | 10    |
| Otu0365 | f__Gemmataceae           | 0,025   | 0,05389 | 91,97 | 2    | 5,25 | 9,25 | 2     |
| Otu0318 | p__Actinobacteria        | 0,0249  | 0,05366 | 92,03 | 8,25 | 6,5  | 1,5  | 4,67  |
| Otu0486 | o__Solibacterales        | 0,02482 | 0,05348 | 92,08 | 0    | 0    | 6,5  | 6,67  |
| Otu0400 | g__Gemmata               | 0,02481 | 0,05347 | 92,13 | 0,25 | 0,75 | 3    | 10,3  |
| Otu0490 | f__Ellin515              | 0,0248  | 0,05345 | 92,19 | 0    | 0    | 1,5  | 10,7  |
| Otu0256 | g__Streptomyces          | 0,02476 | 0,05337 | 92,24 | 0    | 9,25 | 0    | 0     |
| Otu0319 | o__Myxococcales          | 0,02466 | 0,05315 | 92,29 | 2,75 | 9,75 | 3    | 0,667 |
| Otu0377 | o__Ellin6513             | 0,02459 | 0,053   | 92,35 | 1,75 | 2    | 0,25 | 10    |
| Otu0341 | f__Gemmataceae           | 0,02431 | 0,05239 | 92,4  | 0,5  | 8,25 | 6,5  | 2,33  |
| Otu0615 | f__Isosphaeraceae        | 0,02427 | 0,0523  | 92,45 | 9    | 0,75 | 0    | 0     |
| Otu0347 | f__Gemmataceae           | 0,02427 | 0,0523  | 92,5  | 1    | 5    | 7,75 | 2     |



|         |                                |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|--------------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0465 | g__Telmatospirillum            | 0,0242  | 0,05215 | 92,56 | 0,25 | 0    | 1,5  | 10,3  |
| Otu0369 | f__Syntrophobacteraceae        | 0,02415 | 0,05205 | 92,61 | 6,25 | 6,25 | 0,5  | 0     |
| Otu0511 | p__Chloroflexi                 | 0,0241  | 0,05194 | 92,66 | 9    | 1,75 | 0,75 | 0     |
| Otu0297 | o__MLE1-12                     | 0,02409 | 0,05191 | 92,71 | 6,5  | 6,75 | 2    | 0,667 |
| Otu0299 | f__Gemmataceae                 | 0,02408 | 0,05189 | 92,76 | 6    | 6,75 | 7    | 2     |
| Otu0412 | f__Thermogemmatissporaceae     | 0,02406 | 0,05184 | 92,82 | 0,5  | 9    | 0    | 0     |
| Otu0413 | c__TM1                         | 0,02402 | 0,05177 | 92,87 | 8,75 | 2,5  | 2,75 | 0     |
| Otu0422 | f__Thermogemmatissporaceae     | 0,0239  | 0,0515  | 92,92 | 7,75 | 3,25 | 1,25 | 0     |
| Otu0464 | c__Gammaproteobacteria         | 0,02381 | 0,05132 | 92,97 | 9,5  | 2    | 2,25 | 1,33  |
| Otu0284 | f__Gemmataceae                 | 0,02353 | 0,05071 | 93,02 | 2    | 5,5  | 5    | 9,67  |
| Otu0419 | g__Candidatus_Solibacter       | 0,02341 | 0,05046 | 93,07 | 4    | 1,25 | 7,75 | 2,33  |
| Otu0638 | c__Ktedonobacteria             | 0,02321 | 0,05002 | 93,12 | 8,75 | 0,25 | 0,5  | 0     |
| Otu0628 | f__MND4                        | 0,02315 | 0,04989 | 93,17 | 0    | 0,25 | 8,75 | 0,333 |
| Otu0328 | f__Isosphaeraceae              | 0,02308 | 0,04975 | 93,22 | 3,75 | 6,25 | 2,25 | 6,67  |
| Otu0437 | o__Solibacterales              | 0,02307 | 0,04972 | 93,27 | 0    | 8,75 | 0    | 0     |
| Otu0214 | o__Ellin6513                   | 0,023   | 0,04957 | 93,32 | 5,5  | 7,75 | 10,3 | 7     |
| Otu0539 | f__Acetobacteraceae            | 0,02294 | 0,04944 | 93,37 | 3,25 | 0,5  | 1,25 | 9,33  |
| Otu0471 | f__Gemmataceae                 | 0,02289 | 0,04932 | 93,42 | 0    | 0,75 | 1,25 | 10    |
| Otu0605 | f__[Thermodesulfovibrionaceae] | 0,02283 | 0,0492  | 93,47 | 0    | 0    | 8,75 | 0     |
| Otu0350 | f__[Chthoniobacteraceae]       | 0,02282 | 0,04918 | 93,52 | 6,5  | 4    | 0,25 | 6,33  |
| Otu0677 | f__Syntrophobacteraceae        | 0,02272 | 0,04897 | 93,57 | 0    | 0    | 8,5  | 0,667 |
| Otu0510 | f__Sinobacteraceae             | 0,02261 | 0,04873 | 93,61 | 0    | 0    | 1,75 | 9     |
| Otu0361 | f__Gemmataceae                 | 0,02245 | 0,04838 | 93,66 | 2,5  | 2,25 | 3,25 | 10,7  |
| Otu0311 | f__Chitinophagaceae            | 0,02236 | 0,04818 | 93,71 | 6,25 | 5,25 | 1,5  | 3     |
| Otu0508 | p__WPS-2                       | 0,02219 | 0,04783 | 93,76 | 0    | 0    | 2    | 8,33  |
| Otu0495 | f__Rhodospirillaceae           | 0,02214 | 0,04772 | 93,81 | 1,25 | 0    | 4    | 6,67  |
| Otu0424 | o__Solibacterales              | 0,02205 | 0,04752 | 93,85 | 0,25 | 6    | 5    | 0,333 |
| Otu0613 | o__JG30-KF-AS9                 | 0,02197 | 0,04735 | 93,9  | 7,25 | 2,5  | 0,25 | 0     |
| Otu0673 | f__Rhodospirillaceae           | 0,02191 | 0,04723 | 93,95 | 8,25 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0433 | o__MLE1-12                     | 0,02178 | 0,04694 | 94    | 5,25 | 2    | 6,5  | 1,67  |
| Otu0378 | g__Fimbriimonas                | 0,0217  | 0,04677 | 94,04 | 4,75 | 4    | 0,5  | 5,33  |
| Otu0409 | c__Gammaproteobacteria         | 0,02157 | 0,04648 | 94,09 | 0,25 | 4,5  | 6,25 | 1,67  |
| Otu0270 | p__Actinobacteria              | 0,02154 | 0,04643 | 94,14 | 4,25 | 3    | 6,25 | 9,67  |
| Otu0403 | f__Rhodospirillaceae           | 0,02143 | 0,04618 | 94,18 | 3,75 | 2,25 | 8    | 1     |
| Otu0528 | k__Bacteria                    | 0,02128 | 0,04587 | 94,23 | 0    | 0    | 1    | 9,33  |
| Otu0346 | f__Isosphaeraceae              | 0,02105 | 0,04536 | 94,27 | 3    | 5,75 | 1,25 | 6,33  |
| Otu0390 | f__Gemmataceae                 | 0,02098 | 0,04521 | 94,32 | 6,25 | 3    | 2,25 | 5,33  |
| Otu0595 | k__Bacteria                    | 0,02078 | 0,04479 | 94,36 | 2,75 | 0,75 | 0,75 | 7,67  |

|         |                            |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0475 | f__Gemmataceae             | 0,02067 | 0,04455 | 94,41 | 0    | 7,75 | 0    | 0,333 |
| Otu0534 | f__Koribacteraceae         | 0,02067 | 0,04455 | 94,45 | 0    | 0,25 | 1,75 | 8,33  |
| Otu0624 | g__Aquicella               | 0,02045 | 0,04406 | 94,5  | 0,5  | 0    | 7,5  | 1     |
| Otu0712 | o__Rhodospirillales        | 0,02019 | 0,0435  | 94,54 | 7,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0517 | f__Spirochaetaceae         | 0,02015 | 0,04342 | 94,58 | 0,25 | 0,5  | 0,25 | 9     |
| Otu0685 | p__WPS-2                   | 0,02013 | 0,04339 | 94,63 | 7,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0380 | o__Elusimicrobiales        | 0,02011 | 0,04335 | 94,67 | 1    | 2,75 | 5    | 7,33  |
| Otu0573 | o__Ellin6513               | 0,02006 | 0,04323 | 94,71 | 0    | 0    | 0,5  | 9     |
| Otu0404 | f__Rhodospirillaceae       | 0,01998 | 0,04305 | 94,76 | 0    | 6,25 | 1,5  | 3,33  |
| Otu0440 | f__FFCH4570                | 0,01991 | 0,0429  | 94,8  | 0,25 | 3    | 2,5  | 7,67  |
| Otu0474 | c__Gemmatimonadetes        | 0,01987 | 0,04283 | 94,84 | 0    | 6    | 3,75 | 0     |
| Otu0501 | f__Isosphaeraceae          | 0,01978 | 0,04264 | 94,88 | 6,75 | 1,5  | 0    | 0     |
| Otu0298 | o__Myxococcales            | 0,01978 | 0,04263 | 94,93 | 7    | 3,25 | 7    | 5,33  |
| Otu0446 | o__11-24                   | 0,01974 | 0,04255 | 94,97 | 0,25 | 6,75 | 2,5  | 0     |
| Otu0466 | o__JG30-KF-AS9             | 0,01974 | 0,04255 | 95,01 | 1,25 | 0,75 | 6,25 | 4,33  |
| Otu0368 | f__Pirellulaceae           | 0,01974 | 0,04254 | 95,05 | 2,75 | 4,25 | 1,5  | 8,67  |
| Otu0639 | c__Betaproteobacteria      | 0,01963 | 0,04231 | 95,1  | 0    | 0    | 0,75 | 8,67  |
| Otu0887 | g__Nitrospira              | 0,01956 | 0,04214 | 95,14 | 0    | 0    | 7,5  | 0     |
| Otu0533 | o__Methylacidiphilales     | 0,01953 | 0,04208 | 95,18 | 0,75 | 0,25 | 0,75 | 8,67  |
| Otu0438 | c__ABS-6                   | 0,01949 | 0,042   | 95,22 | 1    | 7    | 1,25 | 0     |
| Otu0509 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,01945 | 0,04191 | 95,27 | 2,5  | 5,75 | 0    | 0     |
| Otu0386 | g__Gemmata                 | 0,01939 | 0,04178 | 95,31 | 1    | 6,5  | 1,25 | 4,67  |
| Otu0442 | o__CCU21                   | 0,01932 | 0,04164 | 95,35 | 0,5  | 3,25 | 6,25 | 2,67  |
| Otu0375 | f__EB1003                  | 0,01929 | 0,04158 | 95,39 | 0    | 7,25 | 0    | 0     |
| Otu0456 | c__Ktedonobacteria         | 0,01929 | 0,04157 | 95,43 | 0    | 6,75 | 1,25 | 0     |
| Otu0589 | f__mitochondria            | 0,01916 | 0,04129 | 95,47 | 0    | 7,25 | 0    | 0     |
| Otu0570 | o__Ellin329                | 0,01915 | 0,04128 | 95,51 | 6,25 | 3    | 0,25 | 0,333 |
| Otu0351 | f__Haliangiaceae           | 0,01911 | 0,04119 | 95,56 | 1,75 | 6,75 | 2    | 5,67  |
| Otu0261 | o__Rhizobiales             | 0,01905 | 0,04106 | 95,6  | 2,25 | 5,25 | 6,75 | 7,33  |
| Otu0396 | o__MIZ46                   | 0,01902 | 0,041   | 95,64 | 6    | 3,75 | 1,75 | 4,67  |
| Otu0769 | o__Ellin329                | 0,01894 | 0,04082 | 95,68 | 6,75 | 0    | 0    | 1,67  |
| Otu0344 | g__Planctomyces            | 0,01891 | 0,04074 | 95,72 | 1,25 | 6,25 | 2,5  | 6,33  |
| Otu0463 | c__0319-6E2                | 0,0189  | 0,04073 | 95,76 | 2    | 2,75 | 7,5  | 2,67  |
| Otu0876 | f__Rhodospirillaceae       | 0,01889 | 0,0407  | 95,8  | 7,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0852 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,01881 | 0,04054 | 95,84 | 0    | 0    | 6,75 | 0,667 |
| Otu0560 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,01877 | 0,04045 | 95,88 | 0    | 1    | 5,25 | 2,67  |
| Otu0567 | p__Chloroflexi             | 0,01872 | 0,04035 | 95,92 | 3,75 | 0,5  | 2    | 4     |
| Otu0749 | g__4-29                    | 0,01872 | 0,04033 | 95,96 | 0    | 0    | 6,25 | 1,67  |

|         |                                  |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0454 | f__Thermogemmatissporaceae       | 0,01861 | 0,0401  | 96    | 0,25 | 6,75 | 0    | 0     |
| Otu0406 | f__Acetobacteraceae              | 0,01855 | 0,03998 | 96,04 | 6    | 3,25 | 1    | 6,33  |
| Otu0360 | f__Gaiellaceae                   | 0,01848 | 0,03983 | 96,08 | 2,5  | 4,5  | 4    | 9     |
| Otu0623 | f__Phycisphaeraceae              | 0,01839 | 0,03964 | 96,12 | 0    | 0    | 6,75 | 1     |
| Otu0563 | f__Isosphaeraceae                | 0,01835 | 0,03954 | 96,16 | 5,5  | 2,75 | 0    | 0     |
| Otu0532 | o__CCU21                         | 0,01829 | 0,03943 | 96,2  | 1,5  | 6    | 0    | 0     |
| Otu0838 | f__RB40                          | 0,01827 | 0,03937 | 96,24 | 0    | 0    | 7    | 0     |
| Otu0525 | g__Bdellovibrio                  | 0,01821 | 0,03925 | 96,28 | 1    | 0,75 | 0    | 7,67  |
| Otu0530 | o__Ellin7246                     | 0,01816 | 0,03913 | 96,32 | 2,5  | 5,5  | 0    | 0     |
| Otu0751 | c__Ktedonobacteria               | 0,01815 | 0,03911 | 96,36 | 6    | 1,25 | 0    | 0     |
| Otu0430 | o__FAC88                         | 0,01757 | 0,03786 | 96,4  | 3    | 4,75 | 3,5  | 2     |
| Otu0616 | p__Bacteroidetes                 | 0,01756 | 0,03783 | 96,43 | 0    | 0,75 | 0,25 | 7,67  |
| Otu0460 | f__Thermomonosporaceae           | 0,01752 | 0,03776 | 96,47 | 1,75 | 1,25 | 0,75 | 7     |
| Otu0777 | o__iii1-15                       | 0,01749 | 0,03768 | 96,51 | 6,25 | 0,75 | 0    | 0     |
| Otu0447 | f__Rhodospirillaceae             | 0,01744 | 0,03758 | 96,55 | 1,25 | 6,25 | 0,75 | 1,33  |
| Otu0555 | c__Acidobacteria-5               | 0,01743 | 0,03756 | 96,58 | 0,25 | 0    | 1,5  | 7,33  |
| Otu0526 | g__Candidatus_Xiphinema tobacter | 0,01732 | 0,03733 | 96,62 | 0    | 5,75 | 1,5  | 0,333 |
| Otu0529 | o__S-BQ2-57                      | 0,01729 | 0,03727 | 96,66 | 0    | 0    | 1,75 | 7     |
| Otu0536 | f__Chitinophagaceae              | 0,01726 | 0,0372  | 96,7  | 6,75 | 1    | 1    | 1,33  |
| Otu0819 | f__Thermogemmatissporaceae       | 0,01724 | 0,03716 | 96,73 | 0    | 0,25 | 5,75 | 1,33  |
| Otu0518 | g__Gemmata                       | 0,01723 | 0,03714 | 96,77 | 0,25 | 0,5  | 1,5  | 7,33  |
| Otu0593 | f__Rhodospirillaceae             | 0,0172  | 0,03707 | 96,81 | 4,5  | 0    | 0    | 4     |
| Otu0553 | o__Ellin6513                     | 0,01717 | 0,03699 | 96,84 | 0    | 0    | 2    | 6     |
| Otu0558 | f__Chitinophagaceae              | 0,01703 | 0,0367  | 96,88 | 0,5  | 0    | 0,75 | 7,33  |
| Otu0587 | f__Thermogemmatissporaceae       | 0,017   | 0,03664 | 96,92 | 0    | 0    | 1,25 | 6,67  |
| Otu0691 | f__Thermogemmatissporaceae       | 0,01696 | 0,03655 | 96,95 | 0    | 0    | 6,5  | 0     |
| Otu0681 | f__Acetobacteraceae              | 0,01695 | 0,03652 | 96,99 | 6    | 1    | 0    | 0     |
| Otu0479 | g__Actinomadura                  | 0,01674 | 0,03608 | 97,03 | 2    | 1    | 1,5  | 7,33  |
| Otu0188 | c__Acidobacteria-5               | 0,01672 | 0,03604 | 97,06 | 9,75 | 9,75 | 8,5  | 7,33  |
| Otu0399 | o__Myxococcales                  | 0,01667 | 0,03593 | 97,1  | 2,5  | 4,25 | 4    | 1     |
| Otu0209 | f__Syntrophobacteraceae          | 0,01662 | 0,03581 | 97,13 | 10,3 | 6,25 | 8,5  | 6,67  |
| Otu0394 | f__Gemmataceae                   | 0,01657 | 0,0357  | 97,17 | 0,75 | 6,75 | 2,75 | 2     |
| Otu0801 | f__Rhodospirillaceae             | 0,0163  | 0,03513 | 97,21 | 6,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0569 | c__Betaproteobacteria            | 0,01628 | 0,03509 | 97,24 | 0    | 0    | 1    | 7     |
| Otu0774 | f__Rhodospirillaceae             | 0,01618 | 0,03486 | 97,28 | 6    | 0,75 | 0,25 | 0     |
| Otu0379 | o__SJA-22                        | 0,0161  | 0,03471 | 97,31 | 2,25 | 3,75 | 6,5  | 2,33  |

|         |                               |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|-------------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0782 | o__Ellin6513                  | 0,01603 | 0,03455 | 97,34 | 0    | 0,25 | 2,5  | 5,33  |
| Otu0445 | g__Gemmata                    | 0,01601 | 0,03451 | 97,38 | 0,75 | 3,25 | 1    | 5,67  |
| Otu0441 | f__Rhodocyclaceae             | 0,01595 | 0,03437 | 97,41 | 0    | 6    | 0    | 0     |
| Otu0478 | f__Thermogemmatissporaceae    | 0,01589 | 0,03423 | 97,45 | 1,5  | 6    | 2,25 | 0,333 |
| Otu0355 | o__Ellin329                   | 0,01579 | 0,03403 | 97,48 | 2,75 | 4    | 2,25 | 7     |
| Otu0649 | o__Ellin6513                  | 0,01579 | 0,03402 | 97,52 | 1    | 2,5  | 4,25 | 0     |
| Otu0957 | o__Chlamydiales               | 0,01572 | 0,03388 | 97,55 | 6    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0414 | c__BD7-11                     | 0,0157  | 0,03383 | 97,58 | 1,25 | 4,25 | 2,25 | 6,33  |
| Otu0942 | g__Mesorhizobium              | 0,01564 | 0,03371 | 97,62 | 0    | 0    | 6    | 0     |
| Otu0408 | f__Gemmataceae                | 0,01564 | 0,0337  | 97,65 | 2,75 | 2,5  | 3    | 5,67  |
| Otu0583 | f__Gemmataceae                | 0,01563 | 0,03368 | 97,68 | 1    | 1,25 | 4,75 | 0     |
| Otu0513 | f__0319-6A21                  | 0,01555 | 0,0335  | 97,72 | 1    | 2    | 4,5  | 0,667 |
| Otu0592 | c__Betaproteobacteria         | 0,01551 | 0,03343 | 97,75 | 0,5  | 1,25 | 5,5  | 1     |
| Otu0566 | f__Chitinophagaceae           | 0,01549 | 0,03339 | 97,78 | 0,5  | 1    | 0,75 | 7,33  |
| Otu0444 | f__Thermogemmatissporaceae    | 0,01545 | 0,03329 | 97,82 | 2,25 | 2,75 | 3,75 | 0,667 |
| Otu0594 | o__Solibacterales             | 0,01537 | 0,03312 | 97,85 | 0,25 | 1,25 | 0,75 | 6,33  |
| Otu0418 | f__Polyangiaceae              | 0,01507 | 0,03248 | 97,88 | 2,5  | 2,5  | 2    | 5,67  |
| Otu0866 | p__Proteobacteria             | 0,01505 | 0,03243 | 97,92 | 5,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0922 | o__iii1-15                    | 0,01502 | 0,03237 | 97,95 | 0    | 0    | 5,75 | 0     |
| Otu0933 | f__Thermogemmatissporaceae    | 0,015   | 0,03233 | 97,98 | 0    | 0    | 5,75 | 0     |
| Otu0695 | p__WPS-2                      | 0,0148  | 0,03189 | 98,01 | 3,25 | 0    | 3    | 0,667 |
| Otu0614 | o__Ellin6513                  | 0,01479 | 0,03187 | 98,04 | 0    | 0,75 | 5,25 | 0     |
| Otu0823 | p__WPS-2                      | 0,01472 | 0,03173 | 98,08 | 0    | 0    | 0,75 | 6,33  |
| Otu0656 | o__Ellin5290                  | 0,01472 | 0,03172 | 98,11 | 5,25 | 1    | 0    | 0     |
| Otu0699 | f__Acidobacteriaceae          | 0,0147  | 0,03168 | 98,14 | 5,25 | 1,25 | 0    | 0,667 |
| Otu0505 | f__Gemmataceae                | 0,01468 | 0,03164 | 98,17 | 0,5  | 4,75 | 3,25 | 0,333 |
| Otu0915 | f__Thermogemmatissporaceae    | 0,01459 | 0,03143 | 98,2  | 0    | 0    | 4,75 | 1,67  |
| Otu0491 | f__Conexibacteraceae          | 0,01453 | 0,03131 | 98,23 | 4,75 | 1    | 1    | 4     |
| Otu0926 | f__Koribacteraceae            | 0,01437 | 0,03096 | 98,26 | 5,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0640 | p__WPS-2                      | 0,01411 | 0,0304  | 98,3  | 2    | 0,5  | 0,75 | 4,33  |
| Otu1079 | k__Bacteria                   | 0,01406 | 0,0303  | 98,33 | 4,5  | 1    | 0    | 0     |
| Otu0719 | g__Kaistobacter               | 0,01403 | 0,03024 | 98,36 | 4,5  | 1,5  | 0    | 0     |
| Otu0727 | f__Thermomonosporaceae        | 0,01398 | 0,03013 | 98,39 | 0    | 0,25 | 0    | 6,33  |
| Otu0845 | g__Candidatus_Koribacter      | 0,01382 | 0,02978 | 98,42 | 4,75 | 0    | 1    | 0     |
| Otu0826 | f__Syntrophobacteraceae       | 0,0137  | 0,02953 | 98,45 | 0    | 0    | 4    | 2     |
| Otu0815 | g__Candidatus_Rhabdochlamydia | 0,01369 | 0,0295  | 98,47 | 0,5  | 0    | 5    | 0     |

|         |                               |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|-------------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0388 | c__BD7-11                     | 0,01363 | 0,02936 | 98,5  | 1,75 | 3,75 | 2,25 | 6,67  |
| Otu0625 | f__[Entotheonellaceae]        | 0,01352 | 0,02913 | 98,53 | 0    | 4,75 | 0,75 | 0     |
| Otu0387 | f__Gemmataceae                | 0,01332 | 0,0287  | 98,56 | 2,75 | 2,75 | 4,25 | 5     |
| Otu0949 | o__Solibacterales             | 0,0132  | 0,02844 | 98,59 | 5    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0803 | p__WPS-2                      | 0,01313 | 0,02829 | 98,62 | 0    | 0    | 0,75 | 5,67  |
| Otu0895 | c__EC1113                     | 0,01306 | 0,02814 | 98,65 | 0    | 0    | 5    | 0     |
| Otu1190 | g__Skermanella                | 0,01306 | 0,02814 | 98,68 | 5    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0811 | f__Gemmataceae                | 0,01299 | 0,028   | 98,7  | 5    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0814 | p__WPS-2                      | 0,01291 | 0,02783 | 98,73 | 0    | 0    | 0    | 6     |
| Otu0944 | c__Betaproteobacteria         | 0,01291 | 0,02782 | 98,76 | 0    | 0    | 4,75 | 0,333 |
| Otu0773 | f__Pirellulaceae              | 0,01289 | 0,02779 | 98,79 | 0    | 0,5  | 0,25 | 5,67  |
| Otu0654 | o__Solibacterales             | 0,01284 | 0,02767 | 98,81 | 2,25 | 0,5  | 3,75 | 0     |
| Otu0730 | f__Gemmataceae                | 0,01274 | 0,02746 | 98,84 | 0    | 0    | 0,75 | 5,33  |
| Otu0448 | f__Gemmataceae                | 0,01271 | 0,02739 | 98,87 | 0    | 4    | 0,75 | 1,67  |
| Otu0732 | f__Thermogemmatissporaceae    | 0,01263 | 0,02722 | 98,9  | 2,75 | 2,5  | 0    | 0     |
| Otu0772 | o__MLE1-12                    | 0,01257 | 0,02709 | 98,92 | 3    | 0,25 | 2,25 | 1,67  |
| Otu0842 | g__Candidatus_Rhabdochlamydia | 0,01231 | 0,02654 | 98,95 | 4    | 0    | 1,25 | 0,333 |
| Otu0599 | o__[Pedosphaerales]           | 0,01227 | 0,02644 | 98,98 | 0    | 0,25 | 0,5  | 5,33  |
| Otu0763 | f__Gemmataceae                | 0,01217 | 0,02624 | 99    | 0    | 0    | 0    | 5,67  |
| Otu0514 | p__WPS-2                      | 0,01214 | 0,02616 | 99,03 | 3,75 | 1,75 | 0,25 | 2     |
| Otu0562 | f__Gemmataceae                | 0,01196 | 0,02578 | 99,05 | 1    | 4,25 | 0,75 | 0,333 |
| Otu0646 | k__Bacteria                   | 0,01195 | 0,02576 | 99,08 | 4,75 | 0,75 | 1,25 | 0,667 |
| Otu0867 | c__Alphaproteobacteria        | 0,01192 | 0,02568 | 99,11 | 4,25 | 0,5  | 0,25 | 0     |
| Otu0846 | f__Gemmataceae                | 0,01178 | 0,02538 | 99,13 | 0    | 0    | 4,5  | 0     |
| Otu0821 | f__Thermomonosporaceae        | 0,01177 | 0,02536 | 99,16 | 0    | 0    | 4,5  | 0     |
| Otu0663 | g__Rhodoplanes                | 0,01149 | 0,02475 | 99,18 | 0    | 0,75 | 4    | 0     |
| Otu0710 | o__Actinomycetales            | 0,01146 | 0,02469 | 99,21 | 0    | 0    | 0    | 5,33  |
| Otu0962 | o__Ellin6513                  | 0,01144 | 0,02465 | 99,23 | 0    | 0    | 4    | 0,667 |
| Otu0697 | k__Bacteria                   | 0,01138 | 0,02452 | 99,26 | 0    | 3,5  | 1    | 0     |
| Otu0578 | o__Ellin6513                  | 0,01111 | 0,02395 | 99,28 | 0,25 | 4    | 0    | 0     |
| Otu0798 | f__Thermogemmatissporaceae    | 0,01099 | 0,02368 | 99,3  | 0    | 0    | 3,75 | 1     |
| Otu0758 | o__WD2101                     | 0,01091 | 0,02351 | 99,33 | 0    | 0    | 0,75 | 4,33  |
| Otu0789 | k__Bacteria                   | 0,01087 | 0,02344 | 99,35 | 0    | 0    | 0,5  | 4,67  |
| Otu0704 | f__Gemmataceae                | 0,01076 | 0,0232  | 99,37 | 0    | 0    | 0,5  | 4,67  |
| Otu1063 | f__Acidobacteriaceae          | 0,01053 | 0,02269 | 99,4  | 0,25 | 0    | 0    | 4,67  |
| Otu1246 | f__Rhodospirillaceae          | 0,01052 | 0,02268 | 99,42 | 4    | 0    | 0    | 0     |
| Otu1094 | f__Isosphaeraceae             | 0,01041 | 0,02243 | 99,44 | 3    | 1,5  | 0    | 0     |
| Otu0741 | k__Bacteria                   | 0,01038 | 0,02237 | 99,46 | 0    | 0    | 0,5  | 4,33  |

|         |                            |         |         |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------|---------|---------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0788 | o__Ellin6513               | 0,01018 | 0,02193 | 99,49 | 2,5  | 1,25 | 0,75 | 0     |
| Otu1040 | f__Gemmataceae             | 0,01017 | 0,02191 | 99,51 | 3,75 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu1006 | s__massiliensis            | 0,01008 | 0,02172 | 99,53 | 3,5  | 0,5  | 0    | 0     |
| Otu1302 | k__Bacteria                | 0,00978 | 0,02108 | 99,55 | 0    | 0    | 3,75 | 0     |
| Otu0948 | g__FFCH10602               | 0,00962 | 0,02074 | 99,57 | 0    | 1    | 3    | 0     |
| Otu0862 | k__Bacteria                | 0,00949 | 0,02044 | 99,59 | 0    | 0    | 0,75 | 3,67  |
| Otu0977 | g__Fimbriimonas            | 0,00937 | 0,02019 | 99,61 | 0    | 0,25 | 0,25 | 4     |
| Otu0564 | o__RB41                    | 0,00934 | 0,02014 | 99,63 | 0    | 3,5  | 0    | 0     |
| Otu1237 | o__Actinomycetales         | 0,00923 | 0,0199  | 99,65 | 3,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu1084 | f__Rhodospirillaceae       | 0,00905 | 0,0195  | 99,67 | 2,75 | 0,25 | 0,75 | 0     |
| Otu1236 | k__Bacteria                | 0,00894 | 0,01926 | 99,69 | 0    | 0    | 3    | 0,667 |
| Otu0911 | f__mitochondria            | 0,00887 | 0,01911 | 99,71 | 0    | 2,75 | 0,75 | 0     |
| Otu1429 | g__JG37-AG-70              | 0,00878 | 0,01892 | 99,73 | 0    | 0,75 | 2,75 | 0     |
| Otu0864 | o__Chlamydiales            | 0,00874 | 0,01884 | 99,75 | 3    | 0,75 | 0    | 0     |
| Otu1552 | o__JG30-KF-AS9             | 0,00857 | 0,01847 | 99,77 | 3,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu1104 | c__Ktedonobacteria         | 0,00851 | 0,01834 | 99,78 | 0    | 3,25 | 0    | 0     |
| Otu1447 | f__Gemmataceae             | 0,00851 | 0,01833 | 99,8  | 3,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu1218 | o__Gemmatales              | 0,00847 | 0,01825 | 99,82 | 3,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0648 | c__Ktedonobacteria         | 0,00844 | 0,01818 | 99,84 | 0,5  | 2,75 | 0    | 0     |
| Otu0875 | f__Rhodospirillaceae       | 0,0084  | 0,01811 | 99,86 | 0    | 0    | 2,75 | 0,667 |
| Otu1087 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,00832 | 0,01792 | 99,87 | 0    | 0    | 3    | 0,333 |
| Otu0917 | p__Proteobacteria          | 0,00788 | 0,01698 | 99,89 | 0    | 0    | 0    | 3,67  |
| Otu1060 | f__Rhodospirillaceae       | 0,00781 | 0,01683 | 99,91 | 3    | 0    | 0    | 0     |
| Otu1003 | f__Chthonomonadaceae       | 0,00779 | 0,01679 | 99,93 | 3    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0768 | f__mitochondria            | 0,00727 | 0,01566 | 99,94 | 0    | 2,75 | 0    | 0     |
| Otu1376 | g__Actinomadura            | 0,00721 | 0,01553 | 99,96 | 0    | 0    | 0    | 3,33  |
| Otu1435 | f__Gemmataceae             | 0,00717 | 0,01546 | 99,97 | 0    | 0    | 2,75 | 0     |
| Otu1882 | f__Thermogemmatissporaceae | 0,00659 | 0,01421 | 99,99 | 2,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu1196 | p__WPS-2                   | 0,00649 | 0,01399 | 100   | 2,5  | 0    | 0    | 0     |

Anexo 7. Resultados del análisis SIMPER para hongos. Taxonomía: k-reino, p-filo, c-clase, o-orden, f-familia, g-género, s-especie. Parque Nacional Isla del Coco, Costa Rica, 2021.

| OTU     | Taxonomía                         | Dis. Prom. | Contrib. % | Acum. % | Media Ex | Media bp-P | Media bn.A | Media bn.O |
|---------|-----------------------------------|------------|------------|---------|----------|------------|------------|------------|
| Otu0001 | o__Agaricales                     | 3,804      | 4,184      | 4,184   | 0        | 0          | 629        | 1,33       |
| Otu0003 | f__Agaricaceae                    | 3,742      | 4,116      | 8,3     | 0        | 0          | 9,75       | 756        |
| Otu0005 | p__Ascomycota                     | 3,703      | 4,073      | 12,37   | 529      | 149        | 22,8       | 48,7       |
| Otu0002 | k__Fungi                          | 3,225      | 3,547      | 15,92   | 0        | 0          | 194        | 509        |
| Otu0004 | k__Fungi                          | 2,649      | 2,913      | 18,83   | 0        | 0          | 274        | 243        |
| Otu0006 | p__Ascomycota                     | 2,334      | 2,567      | 21,4    | 0        | 200        | 283        | 17,7       |
| Otu0007 | s__Trichosporon_dehoogii          | 2,003      | 2,203      | 23,6    | 256      | 176        | 0,25       | 1          |
| Otu0008 | o__Agaricales                     | 1,974      | 2,171      | 25,77   | 0        | 0          | 43         | 361        |
| Otu0014 | f__Trichocomaceae                 | 1,762      | 1,938      | 27,71   | 291      | 0          | 0          | 0          |
| Otu0016 | s__Mortierella_chlamydospora      | 1,712      | 1,883      | 29,6    | 281      | 0,25       | 0          | 0          |
| Otu0010 | s__Sarcodon_atroviridis           | 1,664      | 1,83       | 31,43   | 0        | 0          | 278        | 0          |
| Otu0009 | k__Fungi                          | 1,547      | 1,701      | 33,13   | 0        | 0          | 88,5       | 229        |
| Otu0013 | f__Agaricaceae                    | 1,5        | 1,65       | 34,78   | 0        | 0          | 0          | 307        |
| Otu0011 | p__Ascomycota                     | 1,27       | 1,397      | 36,17   | 0        | 73,5       | 161        | 5,33       |
| Otu0012 | k__Fungi                          | 1,154      | 1,269      | 37,44   | 0,25     | 151        | 71,8       | 3,67       |
| Otu0028 | s__Trechisporales_sp              | 1,12       | 1,232      | 38,68   | 182      | 1,5        | 0          | 1,67       |
| Otu0015 | k__Fungi                          | 1,12       | 1,232      | 39,91   | 0        | 0,25       | 54,3       | 186        |
| Otu0019 | p__Chytridiomycota                | 1,053      | 1,158      | 41,06   | 156      | 39,3       | 0          | 0          |
| Otu0021 | k__Fungi                          | 0,981      | 1,079      | 42,14   | 0        | 15,5       | 150        | 0          |
| Otu0017 | f__Chaetomiaceae                  | 0,8311     | 0,9141     | 43,06   | 126      | 60         | 11,5       | 1          |
| Otu0018 | k__Fungi                          | 0,7978     | 0,8775     | 43,94   | 0        | 129        | 3,75       | 1          |
| Otu0020 | o__Chaetothyriales                | 0,7458     | 0,8203     | 44,76   | 0        | 97,3       | 45,3       | 2,67       |
| Otu0023 | k__Fungi                          | 0,7209     | 0,7929     | 45,55   | 0        | 0          | 88,8       | 46,3       |
| Otu0029 | s__Hygrocybe_glutinipes_var_rubra | 0,7138     | 0,7851     | 46,33   | 0        | 118        | 0          | 0          |
| Otu0022 | s__Cryptococcus_podzolicus        | 0,7035     | 0,7738     | 47,11   | 104      | 49         | 2,75       | 21,3       |
| Otu0032 | f__Mycenaceae                     | 0,6937     | 0,763      | 47,87   | 0        | 0          | 112        | 4          |
| Otu0036 | p__Ascomycota                     | 0,6689     | 0,7357     | 48,61   | 109      | 2          | 0          | 0          |
| Otu0031 | c__Agaricomycetes                 | 0,6279     | 0,6906     | 49,3    | 0        | 0          | 103        | 0          |
| Otu0025 | o__Helotiales                     | 0,6224     | 0,6846     | 49,98   | 41,3     | 0,25       | 21,5       | 89,7       |
| Otu0037 | p__Ascomycota                     | 0,615      | 0,6764     | 50,66   | 0        | 101        | 0          | 0          |
| Otu0024 | p__Ascomycota                     | 0,6107     | 0,6717     | 51,33   | 0        | 75,5       | 44,8       | 0          |

|         |                            |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|----------------------------|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0034 | o__Chaetothyriales         | 0,5871 | 0,6457 | 51,98 | 0    | 70,8 | 33,8 | 0     |
| Otu0027 | o__Chaetothyriales         | 0,5823 | 0,6405 | 52,62 | 0    | 77,8 | 33   | 0     |
| Otu0040 | g__Spizellomyces           | 0,5625 | 0,6187 | 53,23 | 71,5 | 28   | 0    | 0     |
| Otu0043 | f__Mycenaceae              | 0,5588 | 0,6146 | 53,85 | 0    | 64,8 | 4    | 36,7  |
| Otu0035 | o__Chaetothyriales         | 0,5382 | 0,592  | 54,44 | 0    | 2,25 | 86,8 | 0     |
| Otu0026 | k__Fungi                   | 0,5337 | 0,587  | 55,03 | 0    | 75,5 | 14,8 | 0     |
| Otu0053 | p__Ascomycota              | 0,5174 | 0,5691 | 55,6  | 23,5 | 65,5 | 1,25 | 0     |
| Otu0057 | p__Ascomycota              | 0,5127 | 0,5639 | 56,16 | 76,3 | 11,8 | 0    | 0     |
| Otu0033 | k__Fungi                   | 0,5082 | 0,5589 | 56,72 | 0    | 39,3 | 64,8 | 0     |
| Otu0038 | k__Fungi                   | 0,5068 | 0,5575 | 57,28 | 59,8 | 47   | 0    | 0     |
| Otu0061 | k__Fungi                   | 0,4963 | 0,5459 | 57,82 | 81   | 0,75 | 1,75 | 0     |
| Otu0042 | o__Agaricales              | 0,4899 | 0,5389 | 58,36 | 0    | 79   | 4,5  | 0,667 |
| Otu0051 | o__Agaricales              | 0,4799 | 0,5279 | 58,89 | 0    | 32,3 | 52,5 | 0     |
| Otu0039 | s__Metarhizium_anisopliae  | 0,4763 | 0,5239 | 59,41 | 3,25 | 77,3 | 0,75 | 0     |
| Otu0071 | g__Mycoleptodiscus         | 0,4587 | 0,5046 | 59,92 | 76,5 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0063 | f__Nectriaceae             | 0,4507 | 0,4957 | 60,41 | 73,3 | 1,5  | 0    | 0     |
| Otu0030 | k__Fungi                   | 0,4478 | 0,4925 | 60,91 | 0    | 52,3 | 43   | 2     |
| Otu0068 | p__Ascomycota              | 0,4445 | 0,4889 | 61,4  | 69,5 | 7,25 | 0,25 | 4,33  |
| Otu0056 | s__Delicatula_integrella   | 0,4374 | 0,4811 | 61,88 | 4,25 | 69,3 | 0    | 0     |
| Otu0048 | f__Hypocreaceae            | 0,4212 | 0,4633 | 62,34 | 68   | 13   | 2,5  | 11,3  |
| Otu0050 | p__Ascomycota              | 0,4205 | 0,4625 | 62,8  | 0    | 22,3 | 55   | 0     |
| Otu0052 | p__Ascomycota              | 0,4138 | 0,4552 | 63,26 | 0    | 8,25 | 61   | 0     |
| Otu0046 | k__Fungi                   | 0,4131 | 0,4544 | 63,71 | 0    | 0    | 8,25 | 76,7  |
| Otu0047 | o__Chaetothyriales         | 0,4124 | 0,4536 | 64,17 | 0    | 45,3 | 28,8 | 0     |
| Otu0064 | s__Conlarium_sp            | 0,4104 | 0,4514 | 64,62 | 65,5 | 5,5  | 0    | 0     |
| Otu0058 | f__Nectriaceae             | 0,3933 | 0,4326 | 65,05 | 42,5 | 37,5 | 0,25 | 0,333 |
| Otu0044 | c__Agaricomycetes          | 0,3901 | 0,4291 | 65,48 | 0    | 0    | 42,3 | 34,7  |
| Otu0062 | s__uncultured_Hyaloriaceae | 0,3888 | 0,4276 | 65,91 | 0    | 64   | 0    | 0     |
| Otu0076 | p__Ascomycota              | 0,3757 | 0,4133 | 66,32 | 0    | 57,3 | 3    | 4,67  |
| Otu0060 | c__Agaricomycetes          | 0,3725 | 0,4097 | 66,73 | 0    | 0    | 8,25 | 70,3  |
| Otu0054 | o__Agaricales              | 0,3651 | 0,4016 | 67,13 | 0    | 0    | 59,8 | 0     |
| Otu0045 | s__Pseudorobillarda_sp     | 0,3646 | 0,401  | 67,53 | 0    | 43,5 | 28,5 | 1     |
| Otu0067 | f__Mycenaceae              | 0,3627 | 0,3989 | 67,93 | 0,25 | 59,5 | 0    | 0     |
| Otu0041 | k__Fungi                   | 0,3453 | 0,3798 | 68,31 | 0    | 56,5 | 0,25 | 0     |
| Otu0090 | p__Ascomycota              | 0,3389 | 0,3727 | 68,68 | 55,8 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0084 | c__Sordariomycetes         | 0,3321 | 0,3653 | 69,05 | 52,8 | 4,75 | 0    | 0     |
| Otu0070 | g__Mortierella             | 0,3198 | 0,3517 | 69,4  | 0,5  | 51,5 | 1,5  | 0     |
| Otu0049 | k__Fungi                   | 0,3174 | 0,3491 | 69,75 | 0    | 31   | 32,5 | 20    |



|         |   |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|---|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0065 | o__Chaetothyriales                      | 0,3154 | 0,347  | 70,1  | 0    | 0,25 | 9,75 | 55,7  |
| Otu0089 | s__Rozellomycota_sp                     | 0,3104 | 0,3414 | 70,44 | 51   | 1    | 0    | 0     |
| Otu0066 | c__Sordariomycetes                      | 0,302  | 0,3322 | 70,77 | 2,25 | 0    | 20,8 | 46,7  |
| Otu0055 | k__Fungi                                | 0,2997 | 0,3296 | 71,1  | 0    | 0    | 49,3 | 0,333 |
| Otu0073 | k__Fungi                                | 0,2937 | 0,3231 | 71,42 | 0    | 0    | 4,75 | 55,7  |
| Otu0080 | o__Agaricales                           | 0,2705 | 0,2975 | 71,72 | 0    | 0    | 12,8 | 42,3  |
| Otu0059 | p__Ascomycota                           | 0,2682 | 0,295  | 72,02 | 5,25 | 37,8 | 16   | 2,67  |
| Otu0086 | o__Rhizophydiales                       | 0,2668 | 0,2934 | 72,31 | 0,25 | 43,8 | 0    | 0     |
| Otu0087 | s__Auriculariales_sp                    | 0,2661 | 0,2927 | 72,6  | 17,8 | 3,75 | 2,75 | 33,7  |
| Otu0085 | g__Entoloma                             | 0,2647 | 0,2911 | 72,89 | 0    | 0    | 43,5 | 0     |
| Otu0072 | f__Orbiliaceae                          | 0,2639 | 0,2903 | 73,18 | 0    | 40   | 7,25 | 0     |
| Otu0097 | c__Agaricomycetes                       | 0,2588 | 0,2846 | 73,47 | 0    | 42,5 | 0    | 0     |
| Otu0083 | g__Acaulospora                          | 0,2579 | 0,2837 | 73,75 | 0,75 | 9,75 | 32,8 | 5,67  |
| Otu0081 | g__Ganoderma                            | 0,2514 | 0,2765 | 74,03 | 29,3 | 24   | 0,5  | 0,667 |
| Otu0069 | k__Fungi                                | 0,2437 | 0,268  | 74,3  | 0    | 5,25 | 5    | 45,3  |
| Otu0094 | p__Ascomycota                           | 0,2344 | 0,2578 | 74,55 | 0    | 38,5 | 0    | 0     |
| Otu0075 | p__Ascomycota                           | 0,2333 | 0,2566 | 74,81 | 35,5 | 10,8 | 3,25 | 9,67  |
| Otu0093 | k__Fungi                                | 0,2309 | 0,254  | 75,06 | 0    | 0,25 | 4,5  | 43    |
| Otu0118 | k__Fungi                                | 0,2239 | 0,2463 | 75,31 | 30,5 | 7,75 | 0    | 0     |
| Otu0078 | p__Ascomycota                           | 0,2172 | 0,2389 | 75,55 | 0    | 26,5 | 12,3 | 0     |
| Otu0082 | p__Ascomycota                           | 0,209  | 0,2299 | 75,78 | 0    | 34,3 | 0    | 0     |
| Otu0138 | f__Mycenaceae                           | 0,2043 | 0,2247 | 76    | 33,5 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0092 | p__Ascomycota                           | 0,2041 | 0,2245 | 76,23 | 0    | 0    | 4    | 38,7  |
| Otu0100 | o__Spizellomycetales                    | 0,1968 | 0,2165 | 76,45 | 5    | 28,8 | 0    | 0     |
| Otu0103 | p__Ascomycota                           | 0,1949 | 0,2143 | 76,66 | 0    | 32   | 0    | 0     |
| Otu0127 | g__Trechisporales                       | 0,1925 | 0,2118 | 76,87 | 26,8 | 0    | 0    | 7,67  |
| Otu0099 | o__Sordariales                          | 0,1911 | 0,2102 | 77,08 | 25,8 | 7,5  | 0,75 | 9     |
| Otu0091 | k__Fungi                                | 0,1909 | 0,21   | 77,29 | 0    | 23   | 15   | 0     |
| Otu0106 | p__Ascomycota                           | 0,1907 | 0,2098 | 77,5  | 0    | 30,8 | 1,25 | 0     |
| Otu0096 | p__Ascomycota                           | 0,1905 | 0,2096 | 77,71 | 0    | 2,75 | 8,5  | 30,7  |
| Otu0109 | p__Chytridiomycota                      | 0,1899 | 0,2088 | 77,92 | 9,75 | 23,3 | 0    | 0     |
| Otu0077 | k__Fungi                                | 0,1832 | 0,2015 | 78,12 | 0    | 13,8 | 22,8 | 12    |
| Otu0101 | s__Chaunopycnis_alba                    | 0,1829 | 0,2012 | 78,32 | 28   | 3,25 | 1    | 5,33  |
| Otu0126 | s__Hydropus_sp                          | 0,181  | 0,1991 | 78,52 | 2    | 28,5 | 0    | 0,333 |
| Otu0095 | f__Ascomycota_family_Inc<br>ertae_sedis | 0,1803 | 0,1983 | 78,72 | 0    | 0    | 9,75 | 27,7  |
| Otu0155 | f__Mortierellaceae                      | 0,1799 | 0,1979 | 78,92 | 29,5 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0112 | p__Ascomycota                           | 0,1709 | 0,188  | 79,11 | 0    | 25,3 | 4,5  | 0     |
| Otu0145 | o__Agaricales                           | 0,1709 | 0,188  | 79,29 | 28,5 | 0    | 0    | 0     |

|         |  |        |        |       |      |      |      |      |
|---------|--|--------|--------|-------|------|------|------|------|
| Otu0074 | c__Tremellomycetes                         | 0,1709 | 0,188  | 79,48 | 6,25 | 23,3 | 14,3 | 5,67 |
| Otu0079 | s__Amauroderma_sp_BRF<br>M_916             | 0,1688 | 0,1857 | 79,67 | 1,5  | 21,5 | 8,5  | 15,3 |
| Otu0107 | c__Sordariomycetes                         | 0,1678 | 0,1846 | 79,85 | 10,5 | 0,25 | 19,3 | 0    |
| Otu0088 | k__Fungi                                   | 0,1674 | 0,1841 | 80,04 | 0    | 13   | 15,5 | 10,3 |
| Otu0098 | s__Pseudorobillarda_sp                     | 0,1672 | 0,184  | 80,22 | 0    | 19   | 14   | 0    |
| Otu0136 | s__Lasiodiplodia_crassispora               | 0,166  | 0,1825 | 80,4  | 27   | 0,75 | 0    | 0    |
| Otu0104 | k__Fungi                                   | 0,1632 | 0,1795 | 80,58 | 0    | 0    | 27   | 0    |
| Otu0144 | c__Dothideomycetes                         | 0,1629 | 0,1792 | 80,76 | 26,8 | 0    | 0    | 0    |
| Otu0131 | k__Fungi                                   | 0,1579 | 0,1737 | 80,93 | 0    | 24,5 | 1,75 | 0    |
| Otu0120 | p__Ascomycota                              | 0,157  | 0,1727 | 81,11 | 0    | 19,5 | 8,5  | 0    |
| Otu0119 | s__uncultured_Hymenoscyphus_ericae complex | 0,1552 | 0,1707 | 81,28 | 0    | 0    | 9,5  | 21,7 |
| Otu0125 | k__Fungi                                   | 0,1541 | 0,1695 | 81,45 | 0    | 0,5  | 5,25 | 26   |
| Otu0115 | f__Herpotrichiellaceae                     | 0,1541 | 0,1695 | 81,62 | 0    | 0    | 19,5 | 8,33 |
| Otu0147 | s__Cephalotheca_sp                         | 0,1529 | 0,1681 | 81,79 | 25   | 0,25 | 0,25 | 0    |
| Otu0159 | o__Helotiales                              | 0,1488 | 0,1636 | 81,95 | 24,5 | 0    | 0    | 0    |
| Otu0105 | f__Chaetosphaeriaceae                      | 0,1483 | 0,1632 | 82,11 | 22,3 | 7,75 | 2    | 3,67 |
| Otu0102 | g__Mortierella                             | 0,1481 | 0,1629 | 82,28 | 0,75 | 8,5  | 19   | 1    |
| Otu0146 | s__Acaulospora_lacunosa                    | 0,1481 | 0,1629 | 82,44 | 22,5 | 4,25 | 0    | 0    |
| Otu0123 | f__Venturiaceae                            | 0,1444 | 0,1588 | 82,6  | 0    | 23,8 | 0    | 0    |
| Otu0134 | p__Chytridiomycota                         | 0,1438 | 0,1582 | 82,75 | 20,3 | 5,75 | 0    | 0    |
| Otu0143 | g__Thermoascaceae                          | 0,1424 | 0,1566 | 82,91 | 22   | 5,25 | 0    | 0    |
| Otu0108 | o__Agaricales                              | 0,1423 | 0,1565 | 83,07 | 0    | 0    | 10,5 | 18   |
| Otu0154 | p__Ascomycota                              | 0,1402 | 0,1542 | 83,22 | 22,8 | 0    | 0    | 0    |
| Otu0133 | p__Basidiomycota                           | 0,1386 | 0,1525 | 83,37 | 2,25 | 0,5  | 4,75 | 23,3 |
| Otu0139 | s__Sebacina_sp_Seb14I                      | 0,1385 | 0,1524 | 83,53 | 0    | 22,8 | 0    | 0    |
| Otu0166 | k__Fungi                                   | 0,1365 | 0,1502 | 83,68 | 22,3 | 0    | 0    | 0    |
| Otu0153 | k__Fungi                                   | 0,1349 | 0,1484 | 83,83 | 0    | 0    | 0,5  | 26,3 |
| Otu0165 | f__Sporormiaceae                           | 0,1345 | 0,1479 | 83,97 | 22,3 | 0    | 0    | 0    |
| Otu0114 | k__Fungi                                   | 0,1316 | 0,1448 | 84,12 | 0,25 | 14,8 | 9,5  | 0    |
| Otu0161 | k__Fungi                                   | 0,1298 | 0,1428 | 84,26 | 21,3 | 0,25 | 0    | 0    |
| Otu0142 | p__Ascomycota                              | 0,1295 | 0,1425 | 84,4  | 0    | 20,5 | 1    | 0    |
| Otu0113 | s__Meripilaceae_sp                         | 0,1277 | 0,1404 | 84,54 | 6,5  | 17,5 | 0    | 1,33 |
| Otu0164 | p__Ascomycota                              | 0,1274 | 0,1401 | 84,68 | 0    | 17,8 | 0    | 4,67 |
| Otu0130 | p__Ascomycota                              | 0,1273 | 0,14   | 84,82 | 0    | 2,25 | 19   | 0    |
| Otu0150 | k__Fungi                                   | 0,1258 | 0,1384 | 84,96 | 20,5 | 0    | 0    | 0    |
| Otu0117 | o__Helotiales                              | 0,1254 | 0,1379 | 85,1  | 0    | 2,5  | 7    | 18,7 |
| Otu0157 | g__Entoloma                                | 0,1234 | 0,1357 | 85,24 | 17,8 | 5    | 0    | 0    |

|         |   |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|---|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0116 | c__Agaricomycetes                       | 0,1226 | 0,1349 | 85,37 | 0,25 | 2,25 | 9,75 | 16    |
| Otu0121 | p__Ascomycota                           | 0,1225 | 0,1347 | 85,51 | 0    | 15,8 | 6,25 | 4,67  |
| Otu0140 | c__Sordariomycetes                      | 0,1215 | 0,1337 | 85,64 | 0    | 20   | 0    | 0     |
| Otu0110 | p__Ascomycota                           | 0,1214 | 0,1335 | 85,77 | 10   | 9,5  | 6,5  | 2     |
| Otu0183 | s__Jahnulales_sp                        | 0,1181 | 0,1299 | 85,9  | 19,3 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0122 | k__Fungi                                | 0,1168 | 0,1284 | 86,03 | 0    | 0    | 5,25 | 18,3  |
| Otu0128 | o__Chaetothyriales                      | 0,1165 | 0,1282 | 86,16 | 0    | 0    | 1,5  | 22    |
| Otu0151 | k__Fungi                                | 0,1159 | 0,1275 | 86,29 | 0    | 0    | 9,5  | 14    |
| Otu0129 | k__Fungi                                | 0,1157 | 0,1272 | 86,41 | 0    | 0    | 10   | 14,3  |
| Otu0193 | g__Mycena                               | 0,1126 | 0,1238 | 86,54 | 18,8 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0178 | f__Auriculariales_family_Incertae_sedis | 0,111  | 0,1221 | 86,66 | 0    | 0    | 18,3 | 0     |
| Otu0156 | p__Ascomycota                           | 0,1099 | 0,1209 | 86,78 | 0    | 0    | 18   | 0,333 |
| Otu0180 | c__Sordariomycetes                      | 0,109  | 0,1199 | 86,9  | 0    | 14,3 | 0    | 5,33  |
| Otu0149 | k__Fungi                                | 0,1086 | 0,1194 | 87,02 | 1,25 | 17,5 | 0    | 0     |
| Otu0111 | p__Ascomycota                           | 0,1076 | 0,1183 | 87,14 | 5,75 | 7,5  | 10   | 5,33  |
| Otu0141 | p__Ascomycota                           | 0,107  | 0,1176 | 87,26 | 11,8 | 0,5  | 5,75 | 4     |
| Otu0160 | f__Acaulosporaceae                      | 0,1068 | 0,1175 | 87,37 | 0    | 0    | 10,5 | 11    |
| Otu0171 | s__Sordariomycetes_sp_216b              | 0,1068 | 0,1175 | 87,49 | 0    | 15,5 | 4    | 0,333 |
| Otu0162 | c__Sordariomycetes                      | 0,1033 | 0,1137 | 87,6  | 0    | 17   | 0    | 0     |
| Otu0185 | p__Chytridiomycota                      | 0,0997 | 0,1096 | 87,71 | 14,5 | 3    | 0    | 0     |
| Otu0124 | p__Ascomycota                           | 0,0995 | 0,1094 | 87,82 | 0    | 0    | 2,75 | 17,3  |
| Otu0176 | c__Agaricomycetes                       | 0,0988 | 0,1087 | 87,93 | 0    | 0    | 0,25 | 20    |
| Otu0175 | g__Mortierella                          | 0,0987 | 0,1086 | 88,04 | 16   | 0    | 0    | 0     |
| Otu0132 | c__Eurotiomycetes                       | 0,0985 | 0,1084 | 88,15 | 0    | 7,5  | 10,3 | 0     |
| Otu0204 | f__Agaricaceae                          | 0,0952 | 0,1047 | 88,25 | 0    | 15,5 | 0    | 0,333 |
| Otu0137 | p__Ascomycota                           | 0,095  | 0,1045 | 88,36 | 1,75 | 14   | 3    | 4     |
| Otu0135 | k__Fungi                                | 0,0926 | 0,1018 | 88,46 | 0    | 0,25 | 15,3 | 0     |
| Otu0199 | k__Fungi                                | 0,0921 | 0,1013 | 88,56 | 14,8 | 1,5  | 0    | 0     |
| Otu0191 | p__Ascomycota                           | 0,0916 | 0,1007 | 88,66 | 9,5  | 6,5  | 0,5  | 0     |
| Otu0152 | p__Ascomycota                           | 0,0906 | 0,0997 | 88,76 | 0    | 0    | 9,75 | 9,67  |
| Otu0173 | f__Aliquandostipitaceae                 | 0,0903 | 0,0994 | 88,86 | 0,25 | 0    | 14,8 | 0     |
| Otu0187 | p__Ascomycota                           | 0,0883 | 0,0971 | 88,96 | 0    | 0    | 0,75 | 17    |
| Otu0194 | s__Trichosporon_laibachii               | 0,0879 | 0,0966 | 89,06 | 8    | 7,75 | 0    | 0     |
| Otu0208 | k__Fungi                                | 0,0871 | 0,0958 | 89,15 | 0    | 0    | 0,5  | 17    |
| Otu0207 | c__Agaricomycetes                       | 0,0868 | 0,0954 | 89,25 | 0    | 14,3 | 0    | 0     |
| Otu0209 | s__Coprinopsis_semitalis                | 0,0864 | 0,095  | 89,34 | 14,3 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0170 | s__Rhizophydium_sp_BR1                  | 0,0845 | 0,093  | 89,43 | 9,75 | 6,25 | 0    | 1,67  |
| Otu0172 | c__Agaricomycetes                       | 0,0841 | 0,0925 | 89,53 | 0    | 0    | 3,25 | 14,3  |

|         |                                |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|--------------------------------|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0148 | p__Ascomycota                  | 0,0839 | 0,0923 | 89,62 | 0    | 13,8 | 0    | 0     |
| Otu0158 | s__Chloridium_sp               | 0,0838 | 0,0922 | 89,71 | 2,25 | 1,25 | 6,25 | 12    |
| Otu0218 | s__Fusarium_oxysporum          | 0,0833 | 0,0916 | 89,8  | 13,8 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0210 | p__Ascomycota                  | 0,0822 | 0,0904 | 89,89 | 0    | 12   | 2    | 0     |
| Otu0226 | p__Ascomycota                  | 0,082  | 0,0902 | 89,98 | 0    | 12,3 | 0,25 | 1,67  |
| Otu0206 | s__Gliocladiopsis_curvata      | 0,0813 | 0,0894 | 90,07 | 12   | 2,75 | 0    | 0     |
| Otu0174 | p__Ascomycota                  | 0,0803 | 0,0883 | 90,16 | 0    | 0    | 13,3 | 0     |
| Otu0181 | f__Chaetomiaceae               | 0,0801 | 0,0881 | 90,25 | 1,5  | 12,8 | 0    | 0     |
| Otu0227 | p__Ascomycota                  | 0,0792 | 0,0871 | 90,34 | 0    | 13   | 0    | 0     |
| Otu0211 | s__Hysteriales_sp              | 0,0786 | 0,0865 | 90,42 | 3,5  | 10,5 | 0    | 0,333 |
| Otu0219 | s__Ceratobasidiaceae_sp        | 0,0782 | 0,0861 | 90,51 | 0,25 | 0,25 | 12,5 | 0     |
| Otu0163 | f__Glomeraceae                 | 0,0779 | 0,0857 | 90,59 | 0    | 7    | 7,75 | 0     |
| Otu0240 | s__Xylaria_sp                  | 0,0773 | 0,085  | 90,68 | 12,5 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0214 | f__Nectriaceae                 | 0,0767 | 0,0844 | 90,76 | 2,5  | 1,75 | 9,5  | 0     |
| Otu0177 | c__Sordariomycetes             | 0,0761 | 0,0837 | 90,85 | 0    | 0    | 0    | 15,3  |
| Otu0212 | c__Agaricomycetes              | 0,0755 | 0,083  | 90,93 | 0    | 12,3 | 0    | 0,333 |
| Otu0189 | p__Ascomycota                  | 0,0749 | 0,0824 | 91,01 | 0    | 9,75 | 4    | 0     |
| Otu0197 | s__Mucor_sp                    | 0,0731 | 0,0805 | 91,09 | 2,5  | 11,3 | 0    | 0     |
| Otu0205 | c__Agaricomycetes              | 0,0708 | 0,0778 | 91,17 | 0    | 0    | 5,75 | 8,67  |
| Otu0201 | g__Veronaeopsis                | 0,0699 | 0,0769 | 91,25 | 0    | 11,3 | 0,5  | 0,333 |
| Otu0195 | o__Chaetothyriales             | 0,0698 | 0,0768 | 91,33 | 0    | 0    | 10,8 | 1     |
| Otu0238 | o__Tremellales                 | 0,0692 | 0,0761 | 91,4  | 0    | 10,8 | 1,25 | 0,333 |
| Otu0179 | k__Fungi                       | 0,069  | 0,0759 | 91,48 | 0    | 9,75 | 0    | 4     |
| Otu0216 | k__Fungi                       | 0,0688 | 0,0756 | 91,55 | 0    | 0    | 3,5  | 10,3  |
| Otu0200 | g__Psilocybe                   | 0,068  | 0,0747 | 91,63 | 11   | 0    | 0    | 0     |
| Otu0167 | s__Hyphodontia_sp              | 0,0674 | 0,0741 | 91,7  | 2,5  | 4,5  | 4,25 | 7     |
| Otu0188 | s__Eurotiomycetes_sp           | 0,0671 | 0,0738 | 91,78 | 0    | 11   | 0    | 0     |
| Otu0242 | o__Agaricales                  | 0,0671 | 0,0738 | 91,85 | 0    | 0    | 0    | 13,3  |
| Otu0169 | s__Mycoleptodiscus_terrestris  | 0,067  | 0,0737 | 91,92 | 0    | 8    | 0,75 | 5     |
| Otu0237 | k__Fungi                       | 0,0669 | 0,0736 | 92    | 0    | 0    | 11   | 0     |
| Otu0245 | c__Leotiomyces                 | 0,0662 | 0,0728 | 92,07 | 0    | 9,75 | 0    | 1,67  |
| Otu0244 | o__Chaetothyriales             | 0,0658 | 0,0724 | 92,14 | 0    | 0    | 0,75 | 12,3  |
| Otu0221 | s__Cylindrocarpon_sp           | 0,0657 | 0,0722 | 92,21 | 10,3 | 0    | 0,75 | 0     |
| Otu0225 | k__Fungi                       | 0,0656 | 0,0722 | 92,29 | 10,5 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0182 | k__Fungi                       | 0,0652 | 0,0717 | 92,36 | 0    | 0,5  | 10,5 | 1,33  |
| Otu0192 | s__fungal_sp_YT_2014_A<br>RM23 | 0,0646 | 0,0711 | 92,43 | 0    | 0    | 2,25 | 11    |
| Otu0280 | s__Trechisporales_sp           | 0,0645 | 0,0709 | 92,5  | 10,8 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0186 | p__Ascomycota                  | 0,0641 | 0,0705 | 92,57 | 0    | 10,5 | 0    | 0     |

|         |   |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|---|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0239 | c__Agaricomycetes                       | 0,0639 | 0,0703 | 92,64 | 0    | 10,5 | 0    | 0     |
| Otu0224 | s__Pyrenochaetopsis_lepto<br>spora      | 0,0639 | 0,0703 | 92,71 | 7,5  | 5    | 0    | 0     |
| Otu0168 | k__Fungi                                | 0,0635 | 0,0698 | 92,78 | 1,25 | 7,75 | 4,75 | 0     |
| Otu0184 | s__Microdiplodia_sp                     | 0,0634 | 0,0697 | 92,85 | 4,75 | 2,25 | 2,75 | 8     |
| Otu0250 | p__Ascomycota                           | 0,0622 | 0,0685 | 92,92 | 10,3 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0202 | g__Glioccephalotrichum                  | 0,0622 | 0,0684 | 92,99 | 0    | 4,5  | 1,5  | 8,33  |
| Otu0255 | f__Clavicipitaceae                      | 0,0615 | 0,0677 | 93,05 | 10   | 0    | 0    | 0     |
| Otu0217 | o__Chaetothyriales                      | 0,0611 | 0,0672 | 93,12 | 0    | 8,5  | 2    | 0     |
| Otu0223 | p__Ascomycota                           | 0,0606 | 0,0667 | 93,19 | 7,25 | 3,5  | 0    | 0     |
| Otu0190 | c__Sordariomycetes                      | 0,0601 | 0,0661 | 93,25 | 1    | 8,5  | 2,25 | 0,333 |
| Otu0220 | s__Chaetosphaeria_fusifor<br>mis        | 0,0599 | 0,0659 | 93,32 | 9,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0203 | f__Herpotrichiellaceae                  | 0,0588 | 0,0647 | 93,39 | 0    | 0    | 1,75 | 10,3  |
| Otu0251 | o__Helotiales                           | 0,0577 | 0,0635 | 93,45 | 0    | 0    | 0,5  | 11,3  |
| Otu0230 | k__Fungi                                | 0,0573 | 0,0631 | 93,51 | 0    | 0    | 0,25 | 11,3  |
| Otu0243 | p__Ascomycota                           | 0,0573 | 0,063  | 93,58 | 0    | 9,25 | 0    | 0,333 |
| Otu0300 | o__Chaetothyriales                      | 0,0572 | 0,0629 | 93,64 | 9,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0287 | f__Glomerellaceae                       | 0,0571 | 0,0628 | 93,7  | 9,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0235 | k__Fungi                                | 0,0567 | 0,0623 | 93,76 | 0,5  | 1,25 | 8,25 | 0,333 |
| Otu0279 | k__Fungi                                | 0,0567 | 0,0623 | 93,83 | 9,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0276 | p__Ascomycota                           | 0,0556 | 0,0611 | 93,89 | 0,25 | 0    | 8,75 | 0,333 |
| Otu0232 | k__Fungi                                | 0,055  | 0,0605 | 93,95 | 0    | 0    | 9    | 0     |
| Otu0315 | f__Helotiales_family_Incert<br>ae_sedis | 0,0549 | 0,0603 | 94,01 | 9    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0308 | f__Ascobolaceae                         | 0,0548 | 0,0603 | 94,07 | 9    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0309 | p__Ascomycota                           | 0,054  | 0,0594 | 94,13 | 9    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0261 | f__Agaricaceae                          | 0,0537 | 0,059  | 94,19 | 0    | 0    | 0    | 10,7  |
| Otu0273 | p__Ascomycota                           | 0,0533 | 0,0586 | 94,24 | 0    | 8,75 | 0    | 0     |
| Otu0263 | k__Fungi                                | 0,0532 | 0,0586 | 94,3  | 8,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0256 | s__Xylogone_ganodermop<br>hthora        | 0,0532 | 0,0585 | 94,36 | 0    | 8,75 | 0    | 0     |
| Otu0265 | o__Hypocreales                          | 0,0525 | 0,0578 | 94,42 | 8,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0260 | c__Agaricomycetes                       | 0,0523 | 0,0575 | 94,48 | 0    | 0    | 1    | 9,67  |
| Otu0282 | p__Ascomycota                           | 0,0521 | 0,0573 | 94,53 | 8,25 | 0,5  | 0    | 0     |
| Otu0234 | p__Ascomycota                           | 0,052  | 0,0572 | 94,59 | 0    | 6    | 3,5  | 0     |
| Otu0283 | o__Agaricales                           | 0,052  | 0,0572 | 94,65 | 0    | 7,25 | 0,75 | 1,33  |
| Otu0259 | g__Mortierella                          | 0,0515 | 0,0567 | 94,71 | 0    | 0    | 2    | 9     |
| Otu0198 | s__Ascomycota_sp_r433                   | 0,0515 | 0,0566 | 94,76 | 0    | 2,75 | 6,25 | 0     |
| Otu0229 | k__Fungi                                | 0,0514 | 0,0565 | 94,82 | 0    | 0    | 4,75 | 5,33  |
| Otu0231 | c__Agaricomycetes                       | 0,0513 | 0,0564 | 94,87 | 0    | 0    | 0    | 10,3  |

|         |   |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|---|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0316 | p__Ascomycota                           | 0,051  | 0,0561 | 94,93 | 8,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0248 | f__Helotiales_family_Incert<br>ae_sedis | 0,0499 | 0,0549 | 94,99 | 0    | 0    | 1    | 9,33  |
| Otu0196 | p__Ascomycota                           | 0,0489 | 0,0538 | 95,04 | 0    | 0    | 4,75 | 5     |
| Otu0268 | p__Ascomycota                           | 0,0488 | 0,0537 | 95,09 | 0    | 8    | 0    | 0     |
| Otu0277 | p__Ascomycota                           | 0,0487 | 0,0536 | 95,15 | 0    | 8    | 0    | 0     |
| Otu0246 | k__Fungi                                | 0,0486 | 0,0535 | 95,2  | 0    | 0,25 | 7,75 | 0     |
| Otu0222 | p__Ascomycota                           | 0,0486 | 0,0534 | 95,25 | 6    | 2,5  | 0,25 | 2     |
| Otu0253 | s__Cephalothecaceae_sp                  | 0,0478 | 0,0526 | 95,31 | 7,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0213 | k__Fungi                                | 0,0477 | 0,0524 | 95,36 | 0    | 0,75 | 7,5  | 0     |
| Otu0271 | p__Ascomycota                           | 0,0474 | 0,0522 | 95,41 | 6,25 | 2,25 | 0    | 0     |
| Otu0291 | s__Trechisporales_sp                    | 0,0472 | 0,0519 | 95,46 | 0    | 7,75 | 0    | 0     |
| Otu0257 | k__Fungi                                | 0,047  | 0,0517 | 95,51 | 3,75 | 4    | 1    | 0,333 |
| Otu0236 | p__Ascomycota                           | 0,0464 | 0,0511 | 95,57 | 0    | 0    | 1,25 | 8,33  |
| Otu0314 | g__Penicillium                          | 0,0464 | 0,051  | 95,62 | 6,75 | 1    | 0    | 0     |
| Otu0293 | p__Ascomycota                           | 0,0458 | 0,0504 | 95,67 | 7,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0296 | c__Sordariomycetes                      | 0,0457 | 0,0502 | 95,72 | 0    | 7,5  | 0    | 0     |
| Otu0319 | p__Ascomycota                           | 0,0457 | 0,0502 | 95,77 | 0    | 7,5  | 0    | 0     |
| Otu0298 | p__Ascomycota                           | 0,0457 | 0,0502 | 95,82 | 0    | 7,5  | 0    | 0     |
| Otu0311 | s__Scedosporium_minutisp<br>ora         | 0,0456 | 0,0502 | 95,87 | 0    | 0    | 7,5  | 0     |
| Otu0334 | p__Ascomycota                           | 0,0456 | 0,0501 | 95,92 | 6,5  | 1,25 | 0    | 0     |
| Otu0247 | p__Ascomycota                           | 0,0455 | 0,0501 | 95,97 | 0    | 0    | 6,75 | 1,33  |
| Otu0312 | c__Eurotiomycetes                       | 0,0453 | 0,0498 | 96,02 | 7,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0342 | c__Sordariomycetes                      | 0,0452 | 0,0498 | 96,07 | 7,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0215 | k__Fungi                                | 0,0452 | 0,0497 | 96,12 | 0    | 0    | 2,75 | 7,33  |
| Otu0252 | k__Fungi                                | 0,0441 | 0,0485 | 96,17 | 0    | 7,25 | 0    | 0     |
| Otu0264 | p__Ascomycota                           | 0,0432 | 0,0475 | 96,21 | 7    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0258 | p__Ascomycota                           | 0,0424 | 0,0467 | 96,26 | 3,5  | 4,25 | 0    | 0     |
| Otu0323 | k__Fungi                                | 0,0421 | 0,0463 | 96,31 | 0    | 0    | 1    | 7,67  |
| Otu0303 | s__Bionectriaceae_sp                    | 0,0418 | 0,046  | 96,35 | 0,25 | 6,75 | 0    | 0     |
| Otu0305 | s__Melnikomyces_vietnam<br>ensis        | 0,0415 | 0,0456 | 96,4  | 6,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0274 | f__Helotiales_family_Incert<br>ae_sedis | 0,0414 | 0,0456 | 96,44 | 4,5  | 3    | 0    | 0     |
| Otu0284 | k__Fungi                                | 0,0411 | 0,0452 | 96,49 | 0    | 0    | 1    | 7,67  |
| Otu0289 | s__Mycoleptodiscus_sp                   | 0,041  | 0,0451 | 96,53 | 0    | 6,75 | 0    | 0     |
| Otu0317 | o__Hypocreales                          | 0,0409 | 0,045  | 96,58 | 6,5  | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0351 | s__Phaeoacremonium_sp                   | 0,0404 | 0,0444 | 96,62 | 5,5  | 2    | 0    | 0     |
| Otu0295 | k__Fungi                                | 0,04   | 0,044  | 96,67 | 3,5  | 3,75 | 0    | 0     |
| Otu0330 | k__Fungi                                | 0,04   | 0,0439 | 96,71 | 6,5  | 0    | 0    | 0     |

|         |                                 |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|---------------------------------|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0286 | g__Mortierella                  | 0,0399 | 0,0439 | 96,75 | 0    | 0    | 0,5  | 7,67  |
| Otu0228 | f__Ophiocordycipitaceae         | 0,0398 | 0,0438 | 96,8  | 4,5  | 3,25 | 0,75 | 1,67  |
| Otu0347 | k__Fungi                        | 0,0398 | 0,0437 | 96,84 | 6,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0348 | k__Fungi                        | 0,0396 | 0,0435 | 96,89 | 0    | 6,5  | 0    | 0     |
| Otu0304 | o__Archaeorhizomycetales        | 0,0385 | 0,0423 | 96,93 | 0    | 5,5  | 1,5  | 0     |
| Otu0390 | c__Sordariomycetes              | 0,0379 | 0,0417 | 96,97 | 6,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0307 | c__Sordariomycetes              | 0,0374 | 0,0412 | 97,01 | 4    | 2,75 | 0    | 0     |
| Otu0310 | p__Ascomycota                   | 0,0371 | 0,0408 | 97,05 | 6    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0333 | p__Ascomycota                   | 0,0365 | 0,0402 | 97,09 | 0    | 6    | 0    | 0     |
| Otu0292 | o__Endogonales                  | 0,0365 | 0,0401 | 97,13 | 0    | 0    | 6    | 0     |
| Otu0328 | k__Fungi                        | 0,0364 | 0,0401 | 97,17 | 0    | 0    | 0,25 | 7     |
| Otu0344 | c__Agaricomycetes               | 0,0362 | 0,0398 | 97,21 | 5,75 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0301 | k__Fungi                        | 0,036  | 0,0396 | 97,25 | 0    | 5,75 | 0    | 0,333 |
| Otu0325 | s__Fusarium_sp_CCG_2012         | 0,0358 | 0,0394 | 97,29 | 0    | 0    | 5,75 | 0,333 |
| Otu0266 | g__Glomeraceae                  | 0,0355 | 0,0391 | 97,33 | 0    | 0    | 1    | 6,33  |
| Otu0299 | f__Agaricaceae                  | 0,0351 | 0,0386 | 97,37 | 0    | 0    | 0,5  | 6,67  |
| Otu0377 | k__Fungi                        | 0,0351 | 0,0386 | 97,41 | 5,25 | 0,75 | 0    | 0     |
| Otu0352 | g__Chaetomium                   | 0,0351 | 0,0386 | 97,45 | 5,75 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0275 | o__Helotiales                   | 0,035  | 0,0385 | 97,48 | 0    | 0    | 1,75 | 5,33  |
| Otu0326 | c__Lecanoromycetes              | 0,035  | 0,0385 | 97,52 | 0    | 5,75 | 0    | 0     |
| Otu0322 | p__Ascomycota                   | 0,0346 | 0,0381 | 97,56 | 0    | 0    | 2,25 | 5     |
| Otu0346 | s__Auriculariales_sp            | 0,0345 | 0,0379 | 97,6  | 4    | 0    | 0    | 2,33  |
| Otu0320 | s__Gliocladium_sp_NRRL_22971    | 0,0341 | 0,0375 | 97,64 | 0    | 0    | 3,75 | 3     |
| Otu0373 | s__Microdiplodia_sp             | 0,034  | 0,0373 | 97,67 | 5,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0294 | s__Penicillium_herquei          | 0,0339 | 0,0373 | 97,71 | 0    | 0    | 3,5  | 3     |
| Otu0269 | p__Ascomycota                   | 0,0336 | 0,037  | 97,75 | 0    | 0    | 5,5  | 0     |
| Otu0278 | s__Sordariomycetes_sp_3_KO_2013 | 0,0336 | 0,0369 | 97,79 | 3,5  | 0    | 2    | 0,667 |
| Otu0374 | s__Coprinopsis_stercorea        | 0,0334 | 0,0368 | 97,82 | 5,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0288 | p__Ascomycota                   | 0,0332 | 0,0365 | 97,86 | 0    | 0    | 5,5  | 0     |
| Otu0272 | k__Fungi                        | 0,0332 | 0,0365 | 97,89 | 0    | 0    | 5,5  | 0     |
| Otu0302 | p__Ascomycota                   | 0,032  | 0,0352 | 97,93 | 0    | 2,75 | 3    | 0     |
| Otu0396 | o__Hypocreales                  | 0,032  | 0,0352 | 97,97 | 0    | 5,25 | 0    | 0     |
| Otu0329 | p__Basidiomycota                | 0,0317 | 0,0348 | 98    | 0    | 0    | 0    | 6,33  |
| Otu0364 | c__Agaricomycetes               | 0,0311 | 0,0343 | 98,03 | 0    | 0    | 0    | 6,33  |
| Otu0335 | k__Fungi                        | 0,0308 | 0,0339 | 98,07 | 0    | 0    | 0,25 | 6     |
| Otu0354 | o__Pleosporales                 | 0,0308 | 0,0339 | 98,1  | 5    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0313 | o__Chaetothyriales              | 0,0305 | 0,0336 | 98,14 | 0    | 0    | 5    | 0     |

|         |   |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|---|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0270 | k__Fungi                                    | 0,0305 | 0,0336 | 98,17 | 0    | 5    | 0    | 0     |
| Otu0343 | k__Fungi                                    | 0,0304 | 0,0335 | 98,2  | 0    | 0    | 5    | 0     |
| Otu0362 | k__Fungi                                    | 0,0304 | 0,0334 | 98,24 | 0    | 5    | 0    | 0     |
| Otu0376 | s__Sporothrix_sp_KUC4053                    | 0,0304 | 0,0334 | 98,27 | 5    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0399 | s__Neoscytalidium_novaehollandiae           | 0,0304 | 0,0334 | 98,3  | 5    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0421 | p__Ascomycota                               | 0,0303 | 0,0334 | 98,34 | 5    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0357 | f__Bionectriaceae                           | 0,0303 | 0,0334 | 98,37 | 4    | 1,25 | 0    | 0     |
| Otu0349 | f__Nectriaceae                              | 0,0302 | 0,0332 | 98,4  | 4,25 | 0,5  | 0,5  | 0     |
| Otu0420 | s__Thozetella_sp_29b                        | 0,0302 | 0,0332 | 98,44 | 5    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0297 | k__Fungi                                    | 0,0301 | 0,0331 | 98,47 | 0    | 0    | 1,5  | 4,67  |
| Otu0370 | o__Chaetothyriales                          | 0,0297 | 0,0327 | 98,5  | 0    | 0    | 1,25 | 4,67  |
| Otu0384 | k__Fungi                                    | 0,0294 | 0,0323 | 98,53 | 3,75 | 0    | 1,25 | 0     |
| Otu0410 | k__Fungi                                    | 0,0289 | 0,0318 | 98,57 | 0    | 4,75 | 0    | 0     |
| Otu0327 | f__Orbiliaceae                              | 0,0287 | 0,0316 | 98,6  | 3,5  | 0,75 | 0    | 1     |
| Otu0372 | p__Ascomycota                               | 0,0285 | 0,0314 | 98,63 | 0    | 0    | 0    | 5,67  |
| Otu0451 | k__Fungi                                    | 0,0274 | 0,0302 | 98,66 | 4,5  | 0    | 0    | 0     |
| Otu0400 | o__Endogonales                              | 0,0274 | 0,0301 | 98,69 | 0    | 0    | 4,5  | 0     |
| Otu0369 | g__Pleosporales                             | 0,0274 | 0,0301 | 98,72 | 0    | 4,5  | 0    | 0     |
| Otu0388 | s__uncultured_Clavariaceae                  | 0,0268 | 0,0295 | 98,75 | 0    | 0    | 0    | 5,33  |
| Otu0404 | s__Acaulospora_lacunosa                     | 0,0266 | 0,0293 | 98,78 | 2,75 | 0,25 | 1,75 | 0     |
| Otu0254 | c__Agaricomycetes                           | 0,026  | 0,0285 | 98,81 | 0    | 4,25 | 0    | 0     |
| Otu0379 | s__uncultured_mycorrhiza_(Archaeosporaceae) | 0,0259 | 0,0285 | 98,84 | 3,75 | 0    | 0    | 0,667 |
| Otu0321 | p__Ascomycota                               | 0,0258 | 0,0284 | 98,86 | 0    | 3,75 | 0,75 | 0     |
| Otu0432 | k__Fungi                                    | 0,0256 | 0,0281 | 98,89 | 4,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0463 | c__Pucciniomycetes                          | 0,0253 | 0,0279 | 98,92 | 4    | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0365 | s__Rozellomycota_sp                         | 0,0253 | 0,0279 | 98,95 | 4    | 0    | 0,25 | 0     |
| Otu0367 | k__Fungi                                    | 0,0253 | 0,0279 | 98,98 | 0    | 0,25 | 1,25 | 3,67  |
| Otu0359 | p__Ascomycota                               | 0,0251 | 0,0276 | 99    | 0    | 0    | 3    | 1,67  |
| Otu0429 | p__Ascomycota                               | 0,0247 | 0,0272 | 99,03 | 4    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0383 | p__Ascomycota                               | 0,0247 | 0,0272 | 99,06 | 4    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0483 | p__Ascomycota                               | 0,0244 | 0,0268 | 99,08 | 4    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0426 | p__Ascomycota                               | 0,0244 | 0,0268 | 99,11 | 0    | 4    | 0    | 0     |
| Otu0380 | p__Ascomycota                               | 0,0244 | 0,0268 | 99,14 | 0    | 4    | 0    | 0     |
| Otu0443 | k__Fungi                                    | 0,0243 | 0,0268 | 99,16 | 4    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0430 | o__Archaeorhizomycetales                    | 0,0243 | 0,0268 | 99,19 | 0    | 0    | 4    | 0     |
| Otu0375 | p__Ascomycota                               | 0,0243 | 0,0267 | 99,22 | 0    | 4    | 0    | 0     |
| Otu0442 | k__Fungi                                    | 0,0243 | 0,0267 | 99,24 | 4    | 0    | 0    | 0     |



|         |                                     |        |        |       |      |      |      |       |
|---------|-------------------------------------|--------|--------|-------|------|------|------|-------|
| Otu0411 | k__Fungi                            | 0,0242 | 0,0266 | 99,27 | 0    | 1    | 3,25 | 0     |
| Otu0393 | f__Agaricaceae                      | 0,0241 | 0,0265 | 99,3  | 3,75 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0476 | p__Ascomycota                       | 0,0237 | 0,0261 | 99,32 | 3,75 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0439 | o__Sordariales                      | 0,0232 | 0,0255 | 99,35 | 3,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0407 | g__Teratosphaeria                   | 0,0232 | 0,0255 | 99,37 | 3,75 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0401 | o__Agaricales                       | 0,0232 | 0,0255 | 99,4  | 0    | 0    | 0    | 4,67  |
| Otu0427 | k__Fungi                            | 0,0229 | 0,0251 | 99,43 | 3,5  | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0448 | p__Ascomycota                       | 0,0228 | 0,0251 | 99,45 | 0    | 3,75 | 0    | 0     |
| Otu0336 | p__Ascomycota                       | 0,0228 | 0,0251 | 99,48 | 0    | 0    | 3,5  | 0,333 |
| Otu0441 | s__Mortierella_sp                   | 0,0218 | 0,024  | 99,5  | 0    | 0    | 0    | 4,33  |
| Otu0456 | c__Agaricomycetes                   | 0,0218 | 0,024  | 99,52 | 1    | 2,75 | 0    | 0     |
| Otu0402 | g__Trichoglossum                    | 0,0214 | 0,0235 | 99,55 | 0    | 0    | 3,5  | 0     |
| Otu0339 | p__Ascomycota                       | 0,0214 | 0,0235 | 99,57 | 0    | 3,5  | 0    | 0     |
| Otu0435 | k__Fungi                            | 0,0213 | 0,0235 | 99,59 | 0    | 3,5  | 0    | 0     |
| Otu0505 | s__Psilocybe_sp_1_RG_2<br>014       | 0,0213 | 0,0234 | 99,62 | 0    | 3,5  | 0    | 0     |
| Otu0471 | k__Fungi                            | 0,0213 | 0,0234 | 99,64 | 0    | 3,5  | 0    | 0     |
| Otu0419 | o__Diversisporales                  | 0,0213 | 0,0234 | 99,66 | 0    | 0    | 3,5  | 0     |
| Otu0455 | s__Sordariomycetes_sp_3<br>_KO_2013 | 0,0213 | 0,0234 | 99,69 | 0    | 3,5  | 0    | 0     |
| Otu0473 | o__Hypocreales                      | 0,0201 | 0,0221 | 99,71 | 3,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0382 | k__Fungi                            | 0,0199 | 0,0219 | 99,73 | 0    | 0    | 3,25 | 0     |
| Otu0391 | g__Entoloma                         | 0,0198 | 0,0218 | 99,75 | 0    | 3,25 | 0    | 0     |
| Otu0458 | f__Meruliaceae                      | 0,0197 | 0,0217 | 99,77 | 0    | 3,25 | 0    | 0     |
| Otu0403 | s__Jahnulales_sp                    | 0,0197 | 0,0217 | 99,8  | 0    | 3,25 | 0    | 0     |
| Otu0527 | c__Chytridiomycetes                 | 0,0197 | 0,0217 | 99,82 | 3,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0521 | g__Fusidium                         | 0,0195 | 0,0214 | 99,84 | 3,25 | 0    | 0    | 0     |
| Otu0486 | p__Ascomycota                       | 0,0195 | 0,0214 | 99,86 | 3    | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0392 | f__Agaricaceae                      | 0,0194 | 0,0214 | 99,88 | 0    | 0    | 3,25 | 0     |
| Otu0418 | o__Agaricales                       | 0,0185 | 0,0204 | 99,9  | 3    | 0    | 0    | 0     |
| Otu0538 | p__Ascomycota                       | 0,0184 | 0,0203 | 99,92 | 0    | 0    | 0    | 3,67  |
| Otu0470 | f__Nectriaceae                      | 0,0182 | 0,0201 | 99,94 | 0    | 3    | 0    | 0     |
| Otu0542 | s__uncultured_Paraglomus            | 0,018  | 0,0198 | 99,96 | 2,75 | 0,25 | 0    | 0     |
| Otu0500 | g__Mortierella                      | 0,0168 | 0,0185 | 99,98 | 0    | 2,75 | 0    | 0     |
| Otu0497 | k__Fungi                            | 0,0167 | 0,0184 | 100   | 0    | 2,75 | 0    | 0     |