

SUPPLEMENTARY INFORMATION

A new concept in METlands: assessment of aerobic electroactive biofilters

Table S1: Influent synthetic wastewater (SWW) composition of the first experimental setup

Compounds	Concentration (mg L ⁻¹)
Sodium acetate	600
Ferric citrate	23.1
Yeast extract	56
KH ₂ PO ₄	44
NaHCO ₃	310
(NH ₄) ₂ SO ₄	250
MgCl ₂ ·2H ₂ O	50
CaCl ₂ ·2H ₂ O	74
ZnSO ₄ ·7H ₂ O	0.4
NaCl	100

Table S2: Average (± SD) concentration of pollutants and physic-chemical characteristics of the influent urban wastewater (UWW) of the second experimental setup.

Parameter	Concentration
COD (mg L ⁻¹)	359 ± 42
BOD ₅ (mg L ⁻¹)	196 ± 57
TSS (mg L ⁻¹)	293 ± 134
TN (mg L ⁻¹)	54.6 ± 6.1
NH ₄ -N (mg L ⁻¹)	45.7 ± 5.7
NO ₃ -N (mg L ⁻¹)	0.7 ± 0.7
TP (mg L ⁻¹)	8.8 ± 1.1
pH	7.4 ± 0.2
Conductivity (µS cm ⁻¹)	1,199 ± 102
Temperature (°C)	23.8 ± 2.3
DO (mg L ⁻¹)	5.4 ± 1.8
ORP (mV)	-166 ± 46

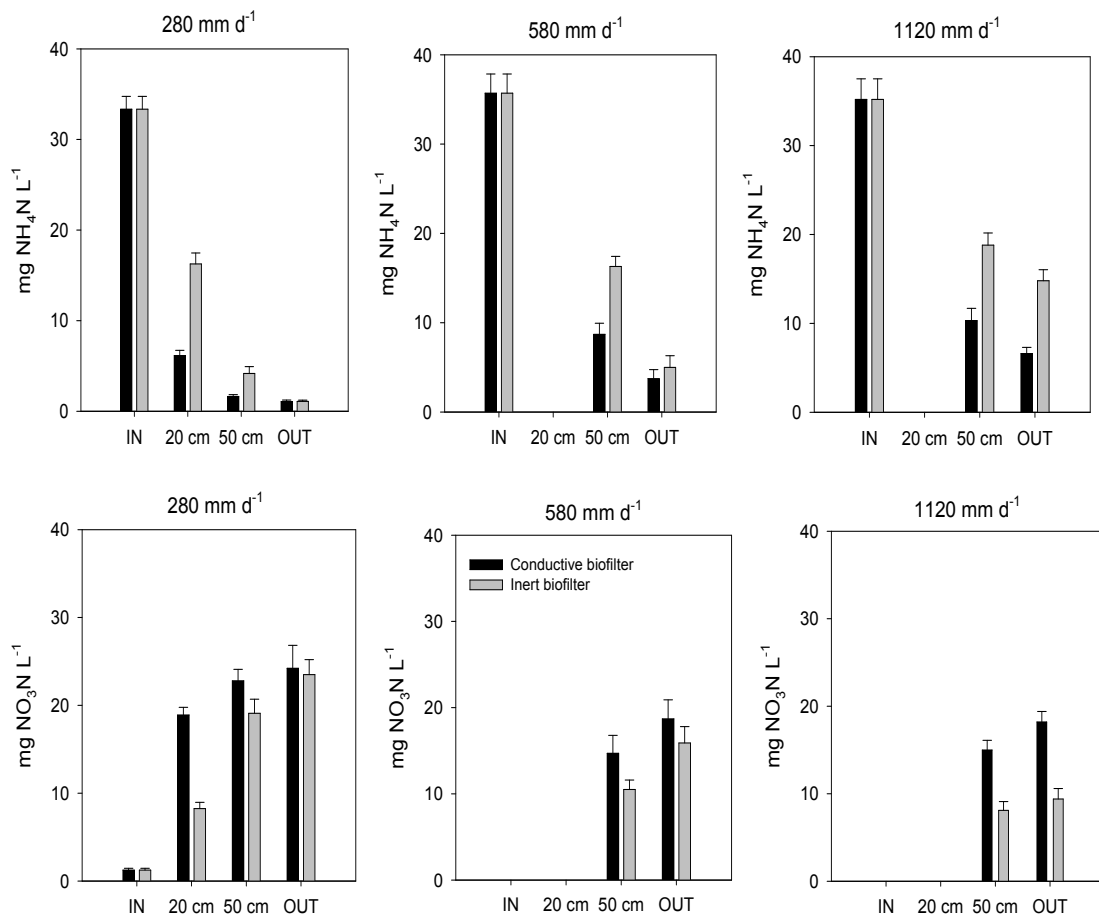


Fig. S1: The graphs above illustrate ammonium nitrogen and the graphs below nitrate nitrogen concentrations of SWW in every sampling point at HLR of 280 mm d⁻¹ (left), 560 mm d⁻¹ (centre) and 1120 mm d⁻¹ (right) comparing electroconductive (coke) and inert (gravel) biofilters, during the first SWW experiment.

Table S3: Influent and effluent residual concentrations of COD, BOD₅, TSS, TN, NH₄-N, NO₃-N and TP (average ± SD) during the second UWW experiment. Removal efficiencies (%) are shown in brackets. UF = upflow (anaerobic) electroconductive biofilter; DF = downflow (aerobic) electroconductive biofilter.

	COD (mg L ⁻¹)	BOD ₅ (mg L ⁻¹)	TSS (mg L ⁻¹)	TN (mg L ⁻¹)	NH ₄ -N (mg L ⁻¹)	NO ₃ -N (mg L ⁻¹)	TP (mg L ⁻¹)
Influent	359 ± 42	196 ± 57	293 ± 134	54.6 ± 6.1	45.7 ± 5.7	0.7 ± 0.7	8.8 ± 1.1
UF effluent	30 ± 15	6 ± 3	7 ± 5	42.2 ± 7.7	34.5 ± 7.9	4.1 ± 1.3	4.8 ± 0.7
DF effluent	15 ± 9	5 ± 3	11 ± 8	34.5 ± 6.6	0.8 ± 0.4	32.9 ± 12.2	1.9 ± 0.9

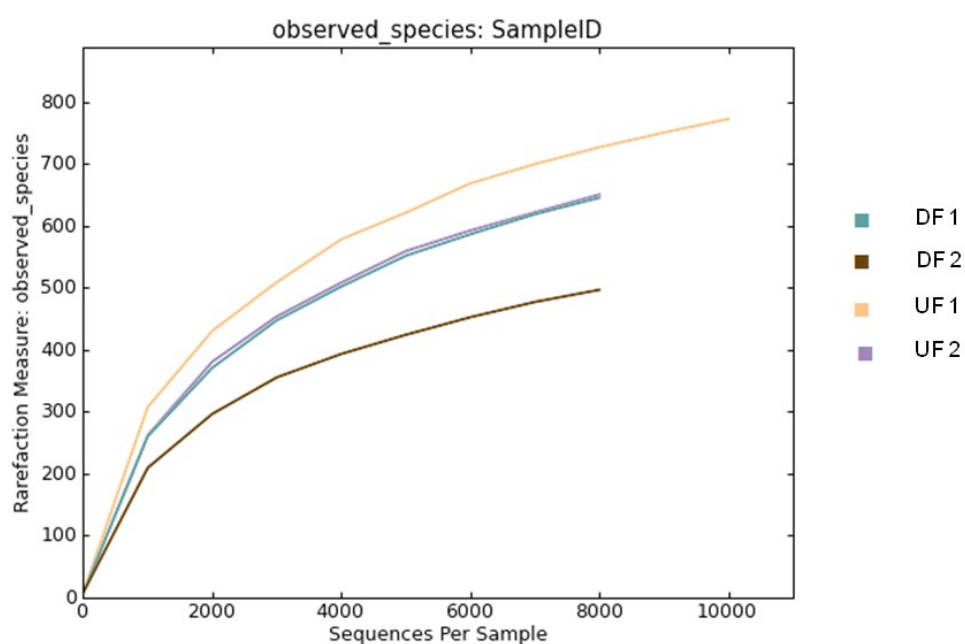


Fig. S2: Rarefaction curves calculated for each sample based on the OTU computations. DF = downflow electroconductive biofilter; UF = upflow electroconductive biofilter.

Table S4: Alpha diversity metrics of the bacterial populations in the samples of the three biofilters. UF = upflow (anaerobic) electroconductive; DF = downflow (aerobic) electroconductive; DFG = downflow (aerobic) inert.

Sample ID	Total sequence written	Median sequence length	Observed OTUs	Chao 1	Shannon	Good's coverage
DF 1	9720	465	688	901	7.47	0.98
DF 2	9217	464	517	686	6.26	0.98
UF 1	13645	462	835	986	7.54	0.98
UF 2	6231	449	694	903	7.07	0.97
DFG 1	9918	440	672	797	7.43	0.98
DFG 2	9872	445	669	776	7.33	0.99

Table S5: OTUs at genus level of the samples of the anaerobic upflow (UF) electroconductive biofilter (> 1% in some sample).

Taxon	UF1	UF 2
<i>Pelobacteraceae; g_</i>	6.38%	9.76%
<i>Coriobacteriaceae; g_</i>	6.25%	10.21%
<i>Bacteroidales; f_; g_</i>	4.95%	4.56%
<i>Geobacter</i>	4.13%	3.70%
<i>Desulfobulbaceae; g_</i>	3.93%	1.44%
<i>Desulfuromonadales; f_; g_</i>	3.88%	3.62%
<i>Rhodocyclaceae; g_</i>	3.84%	2.30%
<i>Peptostreptococcaceae; g_</i>	3.37%	3.70%
<i>vadinCA02</i>	1.96%	2.42%
<i>Catabacteriaceae; g_</i>	1.82%	2.39%
<i>Arcobacter</i>	1.73%	0.85%
<i>RFP12; g_</i>	1.58%	1.85%
<i>Clostridiaceae; g_</i>	1.55%	2.26%
<i>Desulfomicrobium</i>	1.48%	1.50%
<i>Deltaproteobacteria; other</i>	1.36%	0.83%
<i>Syntrophaceae; g_</i>	1.26%	1.36%
<i>PD-UASB-13</i>	1.11%	1.18%
<i>LD1-PB3; f_; g_</i>	0.92%	1.30%
<i>Acidobacteria; other</i>	0.81%	1.52%
<i>Rhodococcus</i>	0.49%	2.24%
<i>Beutenbergiaceae; g_</i>	0.30%	2.00%

Table S6: OTUs at genus level of the samples of the aerobic downflow (DF) electroconductive biofilter (> 1% in some sample).

Taxon	DF 1	DF 2
<i>Thiobacillus</i>	30.21%	11.88%
<i>Geobacter</i>	10.22%	10.10%
<i>Desulfobulbaceae; g_</i>	4.86%	9.04%
<i>Bacteroidales; f_; g_</i>	3.71%	2.98%
<i>Sulfuricurvum</i>	2.60%	4.00%
<i>Arcobacter</i>	1.86%	2.38%
<i>Desulfuromonadales; f_; g_</i>	1.29%	0.87%
<i>Hydrogenophilaceae; g_</i>	1.42%	1.08%
<i>Chromatiales; f_; g_</i>	1.17%	7.93%
<i>Pelobacteraceae; g_</i>	0.64%	1.49%
<i>Comamonadaceae; g_</i>	0.50%	0.26%
<i>Sulfurimonas</i>	0.30%	2.04%
<i>Beutenbergiaceae; g_</i>	0.29%	6.55%
<i>Rhodococcus</i>	0.25%	7.08%
<i>Pseudomonaceae; g_</i>	0.24%	0.29%

Table S7: Genera of bacteria identified in the analysed communities of the electroconductive biofilters (over 0.1%). UF=upflow; DF= downflow.

Bacteria genus	UF1	UF2	DF1	DF2
<i>abr-29</i>	0.32	0.10	0.00	0.00
<i>A17</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>A4</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Abiotrophia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Acetobacterium</i>	0.10	0.11	0.06	0.00
<i>Acholeplasma</i>	0.03	0.00	0.00	0.01
<i>Achromobacter</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Acidovorax</i>	0.25	0.06	0.11	0.08
<i>Acinetobacter</i>	0.14	0.07	0.13	0.08
<i>Actinoallomurus</i>	0.02	0.00	0.00	0.00
<i>Actinomyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.03
<i>Actinomycetospora</i>	0.00	0.00	0.01	0.02
<i>Actinoplanes</i>	0.02	0.00	0.00	0.00
<i>Actinopolymorpha</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Adlercreutzia</i>	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Aerococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Aeromicrobium</i>	0.02	0.01	0.02	0.01
<i>Afifella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Afipia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Agrobacterium</i>	0.01	0.00	0.09	0.03
<i>Agromyces</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Alicyclobacillus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Alishewanella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Allochromatium</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Amaricoccus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Aminiphiluss</i>	0.50	0.39	0.02	0.00
<i>Aminobacter</i>	0.23	0.04	0.03	0.00
<i>Anaerococcus</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Anaerofilum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Anaerofustis</i>	0.08	0.03	0.02	0.00
<i>Anaeromusa</i>	0.00	0.00	0.00	0.04
<i>Anaeromyxobacter</i>	0.02	0.04	0.00	0.00
<i>Aquabacterium</i>	0.00	0.00	0.02	0.01
<i>Aquicella</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Aquimonas</i>	0.00	0.00	0.61	0.72
<i>Arcobacter</i>	1.73	0.85	1.86	2.38
<i>Arenimonas</i>	0.01	0.01	0.36	0.30
<i>Arthrobacter</i>	0.02	0.00	0.00	0.00
<i>Azoarcus</i>	0.12	0.03	0.00	0.00
<i>Azohydromonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azorhizophilus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Azospirillum</i>	0.00	0.02	0.00	0.00
<i>Azovibrio</i>	0.12	0.17	0.01	0.00
<i>Bacillus</i>	0.01	0.01	0.00	0.00
<i>Bacteroides</i>	0.04	0.06	0.27	0.08
<i>Balneimonas</i>	0.04	0.03	0.03	0.00
<i>Bdellovibrio</i>	0.00	0.00	0.03	0.05
<i>Bifidobacterium</i>	0.04	0.08	0.05	0.00
<i>Bosea</i>	0.15	0.22	0.07	0.00
<i>Brachybacterium</i>	0.13	0.00	0.00	0.00

Bacteria genus	UF1	UF2	DF1	DF2
<i>Brevibacillus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Brevibacterium</i>	0.15	0.00	0.00	0.00
<i>Brevundimonas</i>	0.01	0.11	0.01	0.05
<i>Bulleidia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>C1_B004</i>	0.00	0.02	0.03	0.00
<i>C39</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Caldilinea</i>	0.00	0.00	0.04	0.00
<i>Caldilineaceae; other</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Calothrix</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Brocadia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus Koribacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Candidatus</i>	0.01	0.01	0.24	0.15
<i>Protochlamydia</i>				
<i>Candidatus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhabdochlamydia</i>				
<i>Candidatus Solibacter</i>	0.09	0.11	0.25	0.05
<i>Candidatus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Xiphinematobacter</i>				
<i>Capnocytophaga</i>	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Carnobacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Catellatospora</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Caulobacter</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Cellulomonas</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Chelatococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chitinophaga</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Chlorobaculum</i>	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Chondromyces</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Chromatium</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Chryseobacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.11
<i>Chthoniobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Cloacibacillus</i>	0.00	0.02	0.00	0.00
<i>Clostridium</i>	0.75	0.80	0.42	0.31
<i>Cohnella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Collinsella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Comamonas</i>	0.01	0.03	0.03	0.01
<i>Coprobacillus</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Coprococcus</i>	0.00	0.00	0.04	0.00
<i>Coprothermobacter</i>	0.01	0.02	0.00	0.00
<i>Corynebacterium</i>	0.07	0.08	0.07	0.15
<i>Crenothrix</i>	0.00	0.03	0.00	0.00
<i>Cupriavidus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Dechloromonas</i>	0.15	0.11	0.48	0.59
<i>Dehalobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dehalobacterium</i>	0.07	0.25	0.03	0.00
<i>Deinococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Delftia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Denitratisoma</i>	0.40	0.18	0.02	0.00
<i>Denitrovibrio</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Dermacoccus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Desulfobacter</i>	0.09	0.09	0.08	0.10
<i>Desulfobacterium</i>	0.00	0.03	0.00	0.00
<i>Desulfococcus</i>	0.03	0.18	0.00	0.00
<i>Desulfomicrobium</i>	1.48	1.50	0.35	0.46
<i>Desulfomonile</i>	0.33	0.40	0.05	0.00

Bacteria genus	UF1	UF2	DF1	DF2
<i>Desulfosporosinus</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Desulfovibrio</i>	0.97	0.72	0.10	0.11
<i>Desulfurispora</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Dethiosulfovibrio</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Devosia</i>	0.05	0.07	0.01	0.04
<i>Dialister</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Dietzia</i>	0.01	0.01	0.00	0.00
<i>Dok59</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Dokdonella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>E4</i>	0.00	0.00	0.02	0.00
<i>E6</i>	0.14	0.25	0.01	0.00
<i>Eggerthella</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Enhydrobacter</i>	0.01	0.01	0.00	0.02
<i>Enterobacter</i>	0.00	0.06	0.01	0.14
<i>Enterococcus</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Erythromicrobium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Escherichia</i>	0.00	0.03	0.02	0.15
<i>Eubacterium</i>	0.03	0.01	0.00	0.00
<i>Exiguobacterium</i>	0.00	0.00	0.02	0.00
<i>Facklamia</i>	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Faecalibacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Fervidobacterium</i>	0.00	0.04	0.00	0.00
<i>Fimbriimonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Finegoldia</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Flavisolibacter</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Flavobacterium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Fusibacter</i>	0.11	0.00	0.02	0.00
<i>G07</i>	0.00	0.00	0.00	0.04
<i>Gallionella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Gardnerella</i>	0.01	0.00	0.03	0.00
<i>Gemmata</i>	0.00	0.00	0.08	0.00
Geobacter	4.13	3.70	10.22	10.10
<i>Geodermatophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Geothrix</i>	0.15	0.04	0.37	0.72
<i>Gillisia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Glycomyces</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Gordonia</i>	0.07	0.14	0.11	0.00
<i>GOUTA19</i>	0.00	0.00	0.00	0.03
<i>HA73</i>	0.67	0.86	0.00	0.05
<i>Haemophilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.02
<i>Haloanella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Halothiobacillus</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Helcococcus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Herbaspirillum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Hydrogenophaga</i>	0.09	0.01	0.93	0.89
<i>Hylemonella</i>	0.01	0.03	0.04	0.07
<i>Hyphomicrobium</i>	0.04	0.02	0.03	0.09
<i>Hyphomonas</i>	0.00	0.00	0.03	0.00
<i>Iamia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Inquilinus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Isophtericola</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>J2-29</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Janthinobacterium</i>	0.04	0.02	0.00	0.00
<i>Jeotgalicoccus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00

Bacteria genus	UF1	UF2	DF1	DF2
<i>K82</i>	0.01	0.00	0.03	0.00
<i>Kaistia</i>	0.00	0.01	0.00	0.03
<i>Kaistobacter</i>	0.32	0.39	0.00	0.00
<i>Kingella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Kocuria</i>	0.04	0.00	0.00	0.01
<i>Lachnobacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Lactobacillus</i>	0.01	0.00	0.00	0.41
<i>Legionella</i>	0.02	0.00	0.05	0.10
<i>Leptospira</i>	0.00	0.00	0.02	0.00
<i>Leptotrichia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Leucobacter</i>	0.19	0.23	0.04	0.00
<i>Limnohabitans</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Limnothrix</i>	0.00	0.00	0.02	0.00
<i>Luteimonas</i>	0.02	0.01	0.00	0.00
<i>Luteolibacter</i>	0.01	0.06	0.02	0.00
<i>Lysobacter</i>	0.07	0.03	0.00	0.00
<i>Magnetospirillum</i>	0.01	0.00	0.02	0.00
<i>Marinomonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Megamonas</i>	0.01	0.00	0.00	0.03
<i>Mesorhizobium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methylibium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Methylobacterium</i>	0.01	0.03	0.00	0.01
<i>Methylocaldum</i>	0.01	0.03	0.00	0.00
<i>Methyломicrobium</i>	0.01	0.01	0.00	0.00
<i>Methylomonas</i>	0.00	0.06	0.02	0.01
<i>Methylotenera</i>	0.01	0.00	0.00	0.12
<i>Methyloversatilis</i>	0.00	0.02	0.05	0.00
<i>Microbacterium</i>	0.00	0.00	0.02	0.00
<i>Micrococcus</i>	0.07	0.03	0.00	0.15
<i>Modestobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Moraxella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Mycobacterium</i>	0.26	0.20	0.13	0.02
<i>Mycoplasma</i>	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Nannocystis</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Neisseria</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nesterenkonia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Niabella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Niastella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Nitrospira</i>	0.07	0.00	0.00	0.02
<i>Nocardioides</i>	0.02	0.03	0.00	0.00
<i>Novispirillum</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Novosphingobium</i>	0.08	0.04	0.50	0.05
<i>Ochrobactrum</i>	0.01	0.02	0.01	0.00
<i>Oleomonas</i>	0.01	0.04	0.03	0.27
<i>Opitutus</i>	0.01	0.03	0.12	0.21
<i>OR-59</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Oscillospira</i>	0.01	0.01	0.01	0.00
<i>Paenibacillus</i>	0.01	0.01	0.00	0.00
<i>Parabacteroides</i>	0.44	0.67	0.43	0.46
<i>Paracoccus</i>	0.05	0.10	0.04	0.08
<i>Parascardovia</i>	0.01	0.01	0.00	0.02
<i>Parvibaculum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Patulibacter</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Paucibacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.01

Bacteria genus	UF1	UF2	DF1	DF2
<i>PD-UASB-13</i>	1.11	1.18	0.07	0.07
<i>Pedomicrobium</i>	0.00	0.02	0.00	0.00
<i>Peptoniphilus</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Phaeospirillum</i>	0.00	0.00	0.00	0.03
<i>Phenylobacterium</i>	0.12	0.17	0.58	0.10
<i>Phycoccus</i>	0.04	0.00	0.00	0.00
<i>Phyllobacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pimelobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pirellula</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Planctomyces</i>	0.00	0.01	0.03	0.00
<i>Planococcus</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Pleomorphomonas</i>	0.01	0.02	0.01	0.00
<i>Porphyromonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Prevotella</i>	0.01	0.00	0.01	0.00
<i>Propionibacterium</i>	0.00	0.02	0.00	0.02
<i>Propionivibrio</i>	0.02	0.01	0.01	0.04
<i>Prostheco bacter</i>	0.01	0.00	0.08	0.05
<i>Providencia</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>PSB-M-3</i>	0.00	0.00	0.02	0.02
<i>Pseudomonas</i>	0.01	0.00	0.05	0.05
<i>Pseudonocardia</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pseudoxanthomonas</i>	0.01	0.00	0.10	0.00
<i>Psychrobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ramlibacter</i>	0.04	0.02	0.00	0.01
<i>RFN20</i>	0.01	0.01	0.00	0.04
<i>Rheinheimera</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhodanobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rhodobacter</i>	0.15	0.20	0.74	0.08
<i>Rhodococcus</i>	0.49	2.24	0.25	7.08
<i>Rhodoplanes</i>	0.33	0.10	0.15	0.01
<i>Rhodospirillum</i>	0.00	0.00	0.02	0.00
<i>Rickettsiella</i>	0.04	0.01	0.04	0.00
<i>Roseburia</i>	0.02	0.02	0.00	0.00
<i>Roseococcus</i>	0.01	0.00	0.12	0.00
<i>Roseomonas</i>	0.04	0.04	0.11	0.05
<i>Rothia</i>	0.01	0.00	0.01	0.02
<i>Rubellimicrobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Rubrivivax</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Rubrobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Ruminococcus</i>	0.04	0.08	0.02	0.03
<i>Salegentibacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Salinibacterium</i>	0.03	0.01	0.00	0.00
<i>Salinimicrobium</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Sebaldella</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Sedimentibacter</i>	0.00	0.02	0.00	0.00
<i>Segetibacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sejongia</i>	0.04	0.00	0.00	0.00
<i>SHD-231</i>	0.04	0.06	0.03	0.01
<i>Shinella</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Simplicispira</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Sinorhizobium</i>	0.06	0.00	0.00	0.00
<i>SJA-88</i>	0.27	0.30	0.01	0.01
<i>Skermanella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Slackia</i>	0.01	0.00	0.00	0.00

Bacteria genus	UF1	UF2	DF1	DF2
<i>Soehngenia</i>	0.11	0.03	0.00	0.00
<i>Sphingobium</i>	0.04	0.00	0.02	0.00
<i>Sphingomonas</i>	0.07	0.13	0.16	0.55
<i>Sphingopyxis</i>	0.06	0.02	0.03	0.10
<i>Staphylococcus</i>	0.02	0.01	0.04	0.05
<i>Stenotrophomonas</i>	0.00	0.02	0.00	0.00
<i>Steroidobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sterolibacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Streptococcus</i>	0.03	0.03	0.02	0.12
<i>Streptomyces</i>	0.00	0.00	0.04	0.00
<i>Streptosporangium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfuricurvum</i>	0.64	0.25	2.60	4.00
<i>Sulfurimonas</i>	0.04	0.03	0.30	2.04
<i>Sulfuritalea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Sulfurospirillum</i>	0.32	0.08	0.07	0.04
<i>Sutterella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Suyntrophobacter</i>	0.10	0.17	0.04	0.00
<i>Symbiobacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Syntrophus</i>	0.48	0.58	0.07	0.10
<i>T78</i>	0.34	0.48	0.03	0.08
<i>TG5</i>	0.04	0.04	0.00	0.00
<i>Thauera</i>	0.09	0.02	0.11	0.07
<i>Thermococcus</i>	0.00	0.01	0.00	0.00
<i>Thermomonas</i>	0.18	0.16	0.56	0.12
<i>Thiobacillus</i>	0.04	0.01	30.21	11.88
<i>Thiocapsa</i>	0.00	0.04	0.00	0.00
<i>Thiomonas</i>	0.00	0.02	0.00	0.00
<i>Thiothrix</i>	0.00	0.00	0.61	0.08
<i>Thiovirga</i>	0.06	0.01	0.10	0.51
<i>Tolumonas</i>	0.00	0.00	0.01	0.00
<i>Trabulsiella</i>	0.00	0.00	0.00	0.01
<i>Treponema</i>	0.43	0.23	0.36	0.12
<i>Trichococcus</i>	0.00	0.20	0.02	0.00
<i>Turicibacter</i>	0.11	0.09	0.01	0.00
<i>u114</i>	0.02	0.00	0.00	0.01
<i>vadinCA02</i>	1.96	2.42	0.20	0.09
<i>vadinHB04</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>Veillonella</i>	0.00	0.01	0.00	0.01
<i>Verrucomicrobium</i>	0.00	0.00	0.02	0.00
<i>W22</i>	0.10	0.07	0.12	0.14
<i>WCHB1-05</i>	0.00	0.04	0.11	0.04
<i>Weissella</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Williamsia</i>	0.08	0.00	0.00	0.00
<i>Xanthobacter</i>	0.01	0.04	0.06	0.00
<i>za29</i>	0.07	0.10	0.02	0.00
<i>Zooglea</i>	0.05	0.00	0.28	0.10

Table S 8: OTUs at genus level of the down-flow gravel (DFG) biofilter (> 1% in some sample).

Taxon	DFG 1	DFG 2
<i>Rhizobiales; f_; g_</i>	23.10%	20.64%
<i>Bradyrhizobiaceae; g_</i>	8.13%	7.34%
<i>Phenylobacterium</i>	4.98%	4.86%
<i>Nitrospira</i>	4.97%	7.54%
<i>Sphingomonadaceae; g_</i>	4.10%	3.98%
<i>Rhodoplanes</i>	3.38%	3.50%
<i>Nitrosomonadaceae; g_</i>	3.29%	3.26%
<i>Xanthomonadaceae; g_</i>	3.27%	3.64%
<i>Sphingopyxis</i>	2.96%	4.61%
<i>Thermomonas</i>	2.57%	1.65%
<i>Chitinophagaceae; g_</i>	2.49%	2.11%
<i>Phyllobacteriaceae; g_</i>	2.25%	1.44%
<i>Comamonadaceae; g_</i>	1.95%	2.76%
<i>Sphingomonadales; f_; g_</i>	1.66%	1.94%
<i>Sinobacteraceae; g_</i>	1.60%	1.78%
<i>Acidimicrobiales; f_; g_</i>	1.48%	0.86%
<i>Rhizobiaceae; g_</i>	1.47%	0.85%
<i>Rhodobacter</i>	1.40%	1.22%
<i>Erythrobacteraceae; g_</i>	1.37%	1.63%
<i>Rhodobacteraceae; g_</i>	1.34%	1.39%
<i>Pirellulaceae; g_</i>	1.23%	0.85%
<i>Sphingomonas</i>	1.13%	1.40%
<i>Actinomycetales; f_; g_</i>	1.12%	0.71%
Other genera	38.15%	36.93%