

Table S4. The taxonomy assignment of the functional features related to energy metabolism predicted by FAPROTAX

Functional features	Bacteria
nitrate_reduction (38 records)	<i>g__Bilophila</i> ;__ <i>g__Desulfovibrio</i> ;s__ <i>Desulfovibrio_oxamicus</i> <i>s__Geobacter_argillaceus</i> <i>s__Bacillus_funiculus</i> <i>g__Anaerostipes</i> ;__ <i>g__Veillonella</i> ;__ <i>s__Eliaera_tepidiphila</i> <i>s__Pedomicrobium_americanum</i> <i>g__Ensifer</i> ;__ <i>g__Rhodoplanes</i> ;__ <i>g__Gemmobacter</i> ;__ <i>g__Paracoccus</i> ;__ <i>g__Magnetospirillum</i> ;__ <i>g__Aeromonas</i> ;__ <i>g__Shewanella</i> ;__ <i>s__Shewanella_baltica</i> <i>g__Achromobacter</i> ;__ <i>g__Cupriavidus</i> ;__ <i>s__Cupriavidus_oxalaticus</i> <i>g__Aquabacterium</i> ;__ <i>g__Ideonella</i> ;__ <i>g__Azoarcus</i> ;__ <i>s__Azoarcus_tolulyticus</i> <i>g__Azospira</i> ;__ <i>g__Azospira</i> ;s__ <i>uncultured_Rhodocyclaceae</i> <i>g__Dechloromonas</i> ;__ <i>g__Thauera</i> ;__ <i>g__Zoogloea</i> ;__ <i>g__Sutterella</i> ;__ <i>g__Sutterella</i> ;s__ <i>gut_metagenome</i> <i>s__Sutterella_wadsworthensis</i> <i>g__Sutterella</i> ;s__ <i>uncultured_bacterium</i> <i>g__Enterobacter</i> ;__ <i>g__Klebsiella</i> ;__ <i>g__Haemophilus</i> ;__

	<i>g__Vibrio</i> ;	__
	<i>g__Stenotrophomonas</i> ;	__
	<i>g__Opitutus</i> ;	__
nitrate_respiration (19)	<i>g__Bilophila</i> ;	__
	<i>s__Desulfovibrio_oxamicus</i>	
	<i>s__Geobacter_argillaceus</i>	
	<i>g__Rhodoplanes</i> ;	__
	<i>g__Gemmobacter</i> ;	__
	<i>g__Paracoccus</i> ;	__
	<i>g__Magnetospirillum</i> ;	__
	<i>g__Shewanella</i> ;	__
	<i>s__Shewanella_baltica</i>	
	<i>g__Achromobacter</i> ;	__
	<i>g__Aquabacterium</i> ;	__
	<i>g__Azoarcus</i> ;	__
	<i>s__Azoarcus_tolulyticus</i>	
	<i>g__Azospira</i> ;	__
	<i>g__Azospira</i> ;s__uncultured_Rhodocyclaceae	
	<i>g__Dechloromonas</i> ;	__
	<i>g__Thauera</i> ;	__
	<i>g__Zoogloea</i> ;	__
	<i>g__Stenotrophomonas</i> ;	__
nitrogen_respiration (20)	<i>g__Bilophila</i> ;	__
	<i>s__Desulfovibrio_oxamicus</i>	
	<i>s__Geobacter_argillaceus</i>	
	<i>s__anammox_bacterium</i>	
	<i>g__Rhodoplanes</i> ;	__
	<i>g__Gemmobacter</i> ;	__
	<i>g__Paracoccus</i> ;	__
	<i>g__Magnetospirillum</i> ;	__
	<i>g__Shewanella</i> ;	__
	<i>s__Shewanella_baltica</i>	
	<i>g__Achromobacter</i> ;	__
	<i>g__Aquabacterium</i> ;	__
	<i>g__Azoarcus</i> ;	__
	<i>s__Azoarcus_tolulyticus</i>	
	<i>g__Azospira</i> ;	__
	<i>g__Azospira</i> ;s__uncultured_Rhodocyclaceae	

	<i>g__Dechloromonas</i> ;
	<i>g__Thauera</i> ;
	<i>g__Zoogloea</i> ;
	<i>g__Stenotrophomonas</i> ;
ureolysis (12)	<i>s__Bacillus_funiculus</i>
	<i>g__Roseomonas</i> ;
	<i>s__Roseomonas_lacus</i>
	<i>s__Roseomonas_rubra</i>
	<i>g__Azospirillum</i> ;
	<i>s__Azospirillum_sp.</i>
	<i>g__Mesorhizobium</i> ;
	<i>s__Zavarzinia_compransoris</i>
	<i>g__Methylophilus</i> ;
	<i>s__Nitrosomonas_nitrosa</i>
	<i>g__Herbaspirillum</i> ;
	<i>g__Azotobacter</i> ;
sulfite_respiration (2)	<i>g__Desulfobulbus</i> ;
	<i>s__uncultured_Desulfobulbus</i>
methanogenesis_by_CO2_reduction_with_H2 (13)	<i>g__Methanobacterium</i>
	<i>g__Methanobacterium</i> ; <i>s__uncultured_bacterium</i>
	<i>o__Methanomicrobiales</i> ; ; ;
	<i>s__uncultured_Methanomicrobiales</i>
	<i>g__Methanolinea</i> ;
	<i>g__Methanolinea</i> ; <i>s__uncultured_archaeon</i>
	<i>s__uncultured_Methanomicrobiales</i>
	<i>g__Methanoregula</i> ;
	<i>g__Methanoregula</i> ; <i>s__uncultured_methanogenic</i>
	<i>g__Methanospirillum</i> ;
	<i>s__Methanospirillum_psychrodurum</i>
	<i>g__Methanospirillum</i> ; <i>s__uncultured_archaeon</i>
	<i>g__Methanosarcina</i> ;