diversity

MDPI

Supplementary Materials

Table S1. Chemical composition of peat interstitial water and ice.

Depth, cm	substrate	S.C., µS cm^{-1}	pH	UV$_{254}$	DOC, mg/L	DIC, mg/L	SUVA$_{254}$
10-20	peat	67	3.49	2.12	59	4.5	3.5
30-40	peat	99	3.28	4.53	142	9.3	3.2
50-60	peat	149	3.26	5.01	341	11.2	1.5
70-80	peat	215	3.3	3.67	527	8	0.7
90-100	peat	253	3.59	2.32	972	4.7	0.2

Depth, cm	substrate	Li, ppb	Be, ppb	B, ppb	Na, ppb	Mg, ppb	Al, ppb
10-20	peat	0.3	0.013	31.6	859	287	148
30-40	peat	0.4	0.023	39.6	811	134	361
50-60	peat	0.7	0.039	98.4	1866	378	785
70-80	peat	2.8	0.024	37.9	1892	637	3274
90-100	peat	12.1	0.040	125.3	9111	1649	2268

Depth, cm	substrate	Si, ppb	P, ppb	K, ppb	Ca, ppb	Ti, ppb	V, ppb
10-20	peat	927	163	258	1284	2.2	0.38
30-40	peat	1355	103	272	747	4.4	0.80
50-60	peat	2466	857	654	1739	4.8	1.24
70-80	peat	3567	5398	1191	2309	3.6	1.15
90-100	peat	7992	555	4259	3749	25.9	7.4

Depth, cm	substrate	Cr, ppb	Mn, ppb	Fe, ppb	Co, ppb	Ni, ppb	Cu, ppb
10-20	peat	0.38	1.7	368	0.195	0.3	0.4
30-40	peat	0.61	0.6	202	0.191	0.6	0.6
50-60	peat	0.62	2.6	544	0.488	1.2	0.9
70-80	peat	0.57	3.3	1164	0.760	2.0	0.3
90-100	peat	6.01	34.8	4373	1.416	3.7	1.9

Depth, cm	substrate	Zn, ppb	As, ppb	Rb, ppb	Sr, ppb	Y, ppb	Zr, ppb
10-20	peat	74	0.5	0.4	7.7	0.08	0.16
30-40	peat	72	1.0	0.7	7.4	0.11	0.21
50-60	peat	667	1.2	1.9	18.6	0.07	0.25
70-80	peat	663	0.8	4.9	23.6	0.05	0.15
90-100	peat	1626	1.6	15.6	48.2	0.31	1.52

Table S1, continued.

Depth, cm	substrate	Nb, ppb	Mo, ppb	Cd, ppb	Sb, ppb	Cs, ppb	Ba, ppb
10-20	peat	0.013	0.036	0.05	0.048	0.01	72
30-40	peat	0.025	0.055	0.04	0.037	0.03	69
50-60	peat	0.026	0.047	0.08	0.029	0.09	156
70-80	peat	0.010	0.039	0.11	0.031	0.26	107
90-100	peat	0.201	0.066	0.16	0.153	1.86	264

Depth, cm	substrate	La, ppb	Ce, ppb	Dy, ppb	Yb, ppb	Pb, ppb	U, ppb
10-20	peat	0.04	0.08	0.0106	0.0028	0.25	0.005
30-40	peat	0.14	0.29	0.0228	0.0086	0.38	0.019
50-60	peat	0.07	0.14	0.0111	0.0086	0.27	0.012
70-80	peat	0.05	0.09	0.0071	0.0045	0.96	0.007
90-100	peat	0.36	0.70	0.0612	0.0377	0.80	0.059

Table S2. Number of microorganisms as a function of peat depth (average ± s.d.).

Peat layer	**Number of 16S rRNA copies per gram of sam-**
10-20	$(1.35\pm0.08)\times10^{10}$
30-40	$(7.0\pm0.02)\times10^{9}$
50-60	$(1.8\pm0.03)\times10^{9}$
70-80	$(2.6\pm0.19)\times10^{8}$
90-100	$(5.0\pm0.9)\times10^{7}$
100-110	$(2.3\pm0.1)\times10^{7}$

Table S3. Relative proportion of order units of peat microorganisms over the peat column.

Abbreviation	**Taxon unit (*Phylum: Class: Order)***	**Peat horizon depth, cm**					
		10-20	**30-40**	**50-60**	**70-80**	**90-100**	**100-110**
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
EuOMe	*Euryarchaeota: Methanobacteria: Methanobacteriales*	0,0	0,1	0,0	0,0	0,3	0,0
ThONi	*Thaumarchaeota: Nitrososphaeria: Nitrososphaerales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,1
AcOAco	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales*	16,9	45,7	65,0	44,9	0,3	4,8

Table S3, continued.

Abbre-viation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order)*	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
AcOAci	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Acidimicrobiales*	0,2	0,8	0,3	0,0	0,1	0,0
AcOMi	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Microtrichales*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
AcOOt	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Others*	1,7	2,0	0,9	0,1	0,1	0,0
AcAcy	*Actinobacteria: Actinobacteria: Actinomycetales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcBif	*Actinobacteria: Actinobacteria: Bifidobacteriales*	0,0	0,0	0,0	0,0	3,0	0,2
AcCat	*Actinobacteria: Actinobacteria: Catenulisporales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcCor	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales*	0,1	0,3	0,0	0,0	1,5	0,1
AcF	*Actinobacteria: Actinobacteria: Frankiales*	10,5	0,1	0,0	0,0	0,6	0,0
AcMi	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales*	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0	0,0
AcMim	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micromonosporales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,1
AcAcOt	*Actinobacteria: Actinobacteria: Others*	0,0	1,3	12,1	0,3	0,0	0,2
AcPro	*Actinobacteria: Actinobacteria: Propionibacteriales*	0,0	0,0	0,0	0,0	10,9	0,4
AcPs	*Actinobacteria: Actinobacteria: Pseudonocardiales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
AcSt	*Actinobacteria: Actinobacteria: Streptomycetales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
ActOt	*Actinobacteria: Others: Others*	0,6	20,7	4,6	0,3	0,2	0,2
AcSor	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Solirubrobacterales*	2,1	0,4	1,8	1,1	0,5	0,2
AcGa	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Gaiellales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,1
AcTh	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Thermophilales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcThOt	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
ArOAr	*Armatimonadetes: Armatimonadia: Armatimonadales*	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ArOCh	*Armatimonadetes: Chthonomonadetes: Chthonomonadales*	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ArOFi	*Armatimonadetes: Fimbriimonadia: Fimbriimonadales*	0,6	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaOBa	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,8	0,0
BaOChi	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales*	2,3	0,0	0,2	0,0	3,1	0,1
BaOCy	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,2
BaOFl	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,9	0,0
BaOSp	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Sphingobacteriales*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0
BaOOt	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Others*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0

Table S3, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order)*	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
ChCh	*Chloroflexi: Chloroflexia: Chloroflexales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,7	0,0
CyNos	*Cyanobacteria: Oxyphotobacteria: Nostocales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
CyOOt	*Cyanobacteria: Oxyphotobacteria: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiOBa	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales*	0,0	0,0	0,0	0,0	3,2	0,3
FiOLa	*Firmicutes: Bacilli: Lactobacillales*	0,0	0,0	0,3	0,0	7,5	0,4
FiOCl	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales*	0,0	0,0	0,0	0,7	4,9	1,6
FiOTh	*Firmicutes: Clostridia: Thermoanaerobacterales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2
GeOGe	*Gemmatimonadetes: Gemmatimonadetes: Gemmatimonadales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	0,0
GeOLo	*Gemmatimonadetes: Longimicrobia: Longimicrobiales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
OtOOt	*Others: Others: Others*	13,3	17,5	2,1	0,6	1,9	0,4
PaOSa	*Patescibacteria: Saccharimonadia: Saccharimonadales*	0,0	0,6	1,3	0,0	0,1	0,0
PlOPh	*Planctomycetes: Phycisphaerae: Phycisphaerales*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PlPTe	*Planctomycetes: Phycisphaerae: Tepidisphaerales*	3,9	0,3	0,0	0,0	0,2	0,0
PlOGe	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Gemmatales*	1,3	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
PlOI	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Isosphaerales*	3,4	0,0	0,7	0,0	0,1	0,0
PlOPi	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Pirellulales*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
PlOPl	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Planctomycetales*	0,9	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
PrOAc	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Acetobacterales*	2,8	4,1	2,6	0,2	0,1	0,1
PrOAz	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Azospirillales*	0,4	0,0	0,0	0,0	0,1	0,1
PrOCa	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Caulobacterales*	0,7	0,0	0,0	0,0	0,1	0,1
PrOMi	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Micropepsales*	0,9	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrOAOt	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Others*	0,2	0,8	6,6	49,8	0,4	0,1
PrORh	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales*	4,3	1,4	0,2	0,2	2,9	0,3
PrOSp	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Sphingomonadales*	0,0	0,1	0,3	0,0	20,3	0,9
PrOBd	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Bdellovibrionales*	0,4	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrOSe	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Desulfuromonadales*	0,0	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0
PrOMy	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales*	2,1	0,0	0,0	0,0	1,1	0,1
PrOOl	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Oligoflexales*	0,2	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0

Table S3, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order)*	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
PrODOt	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Others*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrOBe	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales*	5,3	1,0	0,4	0,6	9,9	87,5
PrOD	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Diplorickettsiales*	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrOE	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Enterobacterales*	0,0	0,0	0,1	1,0	2,9	0,2
PrOGI	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Gammaproteobacteria Incertae Sedis*	2,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrOGOt	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Others*	2,0	0,3	0,4	0,1	0,0	0,1
PrOPs	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Pseudomonadales*	0,0	0,0	0,0	0,0	3,4	0,2
PrOSt	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Steroidobacterales*	2,0	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0
PrOX	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Xanthomonadales*	0,0	0,0	0,0	0,0	1,2	0,0
PrOOt	*Proteobacteria: Others: Others*	1,2	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
VOCh	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Chthoniobacterales*	2,3	0,1	0,0	0,0	0,7	0,0
VOMe	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Methylacidiphilales*	3,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
VOOp	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Opitutales*	0,4	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
VOOt	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Others*	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
VOP	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Pedosphaerales*	2,0	0,8	0,0	0,0	0,2	0,0
VOV	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Verrucomicrobiales*	0,0	0,0	0,0	0,0	4,2	0,2

Table S4. Family units of peat microorganisms.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
EuFMe	*Euryarchaeota: Methanobacteria: Methanobacteriales: Methanobacteriaceae*	0.0	0.1	0.0	0.0	0.3	0.0
ThFNit	*Thaumarchaeota: Nitrososphaeria: Nitrososphaerales: Nitrososphaeraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.5	0.1
AcFS1	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Acidobacteriaceae (Subgroup 1)*	15.7	45.1	64.7	44.8	0.1	4.8
AcFKo	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Koribacteraceae*	1.1	0.4	0.0	0.1	0.2	0.0
AcAcbFOt	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
AcFS3	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Solibacterales: Solibacteraceae (Subgroup 3)*	3.8	0.4	0.0	0.0	0.6	0.0

Table S4, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
AcFS6U	*Acidobacteria: Subgroup 6: Unknown Order: Unknown Family*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.1
AcFAc	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Acidimicrobiales: Acidimicrobiaceae*	0.2	0.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AcAcbOt	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Acidimicrobiales: Others*	0.0	0.6	0.3	0.0	0.1	0.0
AcFIa	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Microtrichales: Iamiaceae*	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
AcFIl	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Microtrichales: Ilumatobacteraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
AcFMi	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Microtrichales: Microtrichaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
AcAcmOt	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Others: Others*	1.7	2.0	0.9	0.1	0.1	0.0
AcFAct	*Actinobacteria: Actinobacteria: Actinomycetales: Actinomycetaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
AcFB	*Actinobacteria: Actinobacteria: Bifidobacteriales: Bifidobacteriaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	3.0	0.2
AcFC	*Actinobacteria: Actinobacteria: Catenulisporales: Catenulisporaceae*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcFCo	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales: Corynebacteriaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	1.1	0.0
AcFMyc	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales: Mycobacteriaceae*	0.1	0.3	0.0	0.0	0.1	0.1
AcFN	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales: Nocardiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
AcFFA	*Actinobacteria: Actinobacteria: Frankiales: Acidothermaceae*	10.5	0.1	0.0	0.0	0.2	0.0
AcFF	*Actinobacteria: Actinobacteria: Frankiales: Frankiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
AcFFS	*Actinobacteria: Actinobacteria: Frankiales: Sporichthyaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0
AcFD	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Dermabacteraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
AcFMI	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Intrasporangiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
AcFMM	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Microbacteriaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0
ActFM	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Micrococcaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0
ActFMs	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micromonosporales: Micromonosporaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.5	0.1
ActFO	*Actinobacteria: Actinobacteria: Others: Others*	0.0	1.3	12.0	0.3	0.0	0.2
ActFN	*Actinobacteria: Actinobacteria: Propionibacteriales: Nocardioidaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0
ActFP	*Actinobacteria: Actinobacteria: Propionibacteriales: Propionibacteriaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	10.6	0.3
ActFPs	*Actinobacteria: Actinobacteria: Pseudonocardiales: Pseudonocardiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0
ActFS	*Actinobacteria: Actinobacteria: Streptomycetales: Streptomycetaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0

Table S4, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
ActFO3	*Actinobacteria: Others: Others: Others*	0.6	20.7	4.6	0.3	0.2	0.2
ActFTS	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Solirubrobacterales: Solirubrobacteraceae*	2.1	0.4	1.8	1.1	0.5	0.2
ActFTO	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Others: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
ActFG	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Gaiellales: Gaiellaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3	0.1
AcFTT	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Thermophilales: Thermoleophilaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
ArFA	*Armatimonadetes: Armatimonadia: Armatimonadales: Armatimonadaceae*	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
ArFC	*Armatimonadetes: Chthonomonadetes: Chthonomonadales: Chthonomonadaceae*	0.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
ArFF	*Armatimonadetes: Fimbriimonadia: Fimbriimonadales: Fimbriimonadaceae*	0.6	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFBa	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Bacteroidaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0
BaFM	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Marinifilaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFBaOt	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFP	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Prevotellaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFR	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Rikenellaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFC	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Chitinophagaceae*	2.2	0.0	0.0	0.0	2.9	0.1
BaFCO	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFM	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales: Microscillaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.1
BaFH	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales: Hymenobacteraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFCyO	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFS	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales: Spirosomaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFF	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales: Flavobacteriaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.0
BaFCr	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales: Crocinitomicaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFW	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales: Weeksellaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFFO	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BaFSS	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Sphingobacteriales: Sphingobacteriaceae*	0.1	0.0	0.0	0.0	0.5	0.0
BaFBO	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Others: Others*	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
BaFR	*Chloroflexi: Chloroflexia: Chloroflexales: Roseiflexaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.7	0.0
CyFN	*Cyanobacteria: Oxyphotobacteria: Nostocales: Nostocaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
CyNOt	*Cyanobacteria: Oxyphotobacteria: Nostocales: Other*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0

Table S4, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
CyOOt	*Cyanobacteria: Oxyphotobacteria: Others: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BFB	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Bacillaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	1.7	0.1
BFXI	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Family XI*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BFP	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Paenibacillaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0
BFPl	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Planococcaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BFS	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Staphylococcaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.9	0.2
BFL	*Firmicutes: Bacilli: Lactobacillales: Lactobacillaceae*	0.0	0.0	0.3	0.0	7.0	0.4
BFSt	*Firmicutes: Bacilli: Lactobacillales: Streptococcaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.5	0.0
BFCh	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Christensenellaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	1.0	0.1
BFC1	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Clostridiaceae 1*	0.0	0.0	0.0	0.7	0.0	1.5
BFCX	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Family XI*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BFLa	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Lachnospiraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.7	0.0
BFCO	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
BFR	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	2.8	0.1
BFT	*Firmicutes: Clostridia: Thermoanaerobacterales: Thermoanaerobacteraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2
GeFG	*Gemmatimonadetes: Gemmatimonadetes: Gemmatimonadales: Gemmatimonadaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.0
GeFL	*Gemmatimonadetes: Longimicrobia: Longimicrobiales: Longimicrobiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
OFO	*Others: Others: Others: Others*	13.4	17.5	2.1	0.6	1.9	0.4
PaFS	*Patescibacteria: Saccharimonadia: Saccharimonadales: Saccharimonadaceae*	0.0	0.6	1.3	0.0	0.1	0.0
PlFPh	*Planctomycetes: Phycisphaerae: Phycisphaerales: Phycisphaeraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PlFW	*Planctomycetes: Phycisphaerae: Tepidisphaerales: WD2101 soil group*	3.9	0.3	0.0	0.0	0.2	0.0
PlFG	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Gemmatales: Gemmataceae*	1.3	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
PlFI	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Isosphaerales: Isosphaeraceae*	3.4	0.0	0.7	0.0	0.1	0.0
PlFPi	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Pirellulales: Pirellulaceae*	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
PlFO	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Planctomycetales: Others*	0.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
PlFR	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Planctomycetales: Rubinisphaeraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
PrFAA	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Acetobacterales: Acetobacteraceae*	2.8	4.1	2.6	0.2	0.1	0.1

Table S4, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
PrFAAz	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Azospirillales: Azospirillaceae*	0.4	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFACa	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Caulobacterales: Caulobacteraceae*	0.7	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1
PrFAMi	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Micropepsales: Micropepsaceae*	0.9	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFAO	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Others: Others*	0.2	0.8	6.6	49.8	0.4	0.1
PrFAB	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Beijerinckiaceae*	2.0	1.1	0.2	0.0	0.3	0.1
PrFAD	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Devosiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFAH	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Hyphomicrobiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFAK	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Kaistiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFAR	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Rhizobiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	1.1	0.1
PrFAX	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Xanthobacteraceae*	2.3	0.4	0.0	0.2	0.8	0.1
PrFARO	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
PrFASp	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Sphingomonadales: Sphingomonadaceae*	0.0	0.1	0.3	0.0	20.4	0.9
PrFDB	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Bdellovibrionales: Bdellovibrionaceae*	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
PrFDG	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Desulfuromonadales: Geobacteraceae*	0.0	0.6	0.0	0.0	0.0	0.0
PrFDA	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales: Archangiaceae*	0.4	0.0	0.0	0,0	0,0	0,0
PrFDB4	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales: BIrii41*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0
PrFDH	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales: Haliangiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
PrFDM	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales: Myxococcaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFDO	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales: Others*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFDPh	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales: Phaselicystidaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFDP	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales: Polyangiaceae*	1.7	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFDSa	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcales: Sandaracinaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFD03	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Oligoflexales: 0319-6G20*	0.2	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFDOO	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Others: Others*	0.1	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFGB	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae*	5.3	1.0	0.4	0.2	8.7	87.5
PrFGC	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Chromobacteriaceae*	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0	0.0

Table S4, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
PrFGH	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Hydrogenophilaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0
PrFGM	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Methylophilaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.0
PrFGN	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Neisseriaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFGNi	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Nitrosomonadaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0
PrFGRh	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Rhodocyclaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFGD	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Diplorickettsiales: Diplorickettsiaceae*	0.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
PrFGE	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Enterobacterales: Enterobacteriaceae*	0.0	0.0	0.1	1.0	2.9	0.2
PrFGU	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Gammaproteobacteria Incertae Sedis: Unknown Family*	2.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
PrFGOO	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Others: Others*	2.0	0.3	0.4	0.1	0.0	0.1
PrFGMo	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Pseudomonadales: Moraxellaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	1.9	0.1
PrFGPs	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Pseudomonadales: Pseudomonadaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	1.5	0.1
PrFGSO	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Steroidobacterales: Others*	0.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
PrFGSt	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Steroidobacterales: Steroidobacteraceae*	1.2	0.1	0.0	0.0	0.1	0.0
PrFGXR	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Xanthomonadales: Rhodanobacteraceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.0
PrFGX	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Xanthomonadales: Xanthomonadaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.0
PrFGOt	*Proteobacteria: Others: Others: Others*	1.2	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0
VFC	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Chthoniobacterales: Chthoniobacteraceae*	1.1	0.1	0.0	0.0	0.6	0.0
VFT	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Chthoniobacterales: Terrimicrobiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
VFX	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Chthoniobacterales: Xiphinematobacteraceae*	1.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
VFM	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Methylacidiphilales: Methylacidiphilaceae*	3.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
VFOp	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Opitutales: Opitutaceae*	0.4	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
VFO	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Others: Others*	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
VFP	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Pedosphaerales: Pedosphaeraceae*	2.0	0.8	0.0	0.0	0.2	0.0
VFA	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Verrucomicrobiales: Akkermansiaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	4.0	0.2
VFR	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Verrucomicrobiales: Rubritaleaceae*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0

Table S5. Genus units of peat microorganisms.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
EuGMe	*Euryarchaeota: Methanobacteria: Methanobacteriales: Methanobacteriaceae: Methanobacterium*	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0
EuMeB	*Euryarchaeota: Methanobacteria: Methanobacteriales: Methanobacteriaceae: Methanobrevibacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
ThCNit	*Thaumarchaeota: Nitrososphaeria: Nitrososphaerales: Nitrososphaeraceae: Candidatus Nitrososphaera*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,1
AcS1Acs	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Acidobacteriaceae (Subgroup 1): Acidicapsa*	0,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
AcS1Acl	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Acidobacteriaceae (Subgroup 1): Acidipila*	8,0	0,0	0,6	0,0	0,0	0,0
AcS1Ed	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Acidobacteriaceae (Subgroup 1): Edaphobacter*	2,1	1,4	3,1	0,4	0,0	0,1
AcS1Gr	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Acidobacteriaceae (Subgroup 1): Granulicella*	2,6	26,3	57,9	43,1	0,0	4,2
AcS1Oc	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Acidobacteriaceae (Subgroup 1): Occallatibacter*	1,4	17,2	3,0	1,0	0,1	0,5
AcS1Ot	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Acidobacteriaceae (Subgroup 1): Others*	1,0	0,1	0,3	0,3	0,0	0,0
AcCKo	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Koribacteraceae: Candidatus Koribacter*	1,1	0,4	0,0	0,1	0,2	0,0
AcAcbOt	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Acidobacteriales: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcS3Br	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Solibacterales: Solibacteraceae (Subgroup 3): Bryobacter*	1,7	0,3	0,0	0,0	0,5	0,0
AcS3CSo	*Acidobacteria: Acidobacteriia: Solibacterales: Solibacteraceae (Subgroup 3): Candidatus Solibacter*	2,1	0,1	0,0	0,0	0,2	0,0
AcS6Vi	*Acidobacteria: Subgroup 6: Unknown Order: Unknown Family: Vicinamibacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,1
AcFe	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Acidimicrobiales: Acidimicrobiaceae: Ferrithrix*	0,1	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0
AcAcbOt	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Acidimicrobiales: Others: Others*	0,0	0,6	0,3	0,0	0,1	0,0
AcIa	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Microtrichales: Iamiaceae: Iamia*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcCL	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Microtrichales: Ilumatobacteraceae: CL500-29 marine group*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
AcIl	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Microtrichales: Ilumatobacteraceae: Ilumatobacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcSv	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Microtrichales: Microtrichaceae: Sva0996 marine group*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcAcmOt	*Actinobacteria: Acidimicrobiia: Others: Others: Others*	1,7	2,0	0,9	0,1	0,1	0,0
AcMob	*Actinobacteria: Actinobacteria: Actinomycetales: Actinomycetaceae: Mobiluncus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcBif	*Actinobacteria: Actinobacteria: Bifidobacteriales: Bifidobacteriaceae: Bifidobacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	2,9	0,2
AcGar	*Actinobacteria: Actinobacteria: Bifidobacteriales: Bifidobacteriaceae: Gardnerella*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcCat	*Actinobacteria: Actinobacteria: Catenulisporales: Catenulisporaceae: Catenulispora*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcCo	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales: Corynebacteriaceae: Corynebacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
AcCo1	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales: Corynebacteriaceae: Corynebacterium 1*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	0,0
AcLaw	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales: Corynebacteriaceae: Lawsonella*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
AcMyc	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales: Mycobacteriaceae: Mycobacterium*	0,1	0,3	0,0	0,0	0,1	0,1
AcRh	*Actinobacteria: Actinobacteria: Corynebacteriales: Nocardiaceae: Rhodococcus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
AcAci	*Actinobacteria: Actinobacteria: Frankiales: Acidothermaceae: Acidothermus*	10,6	0,1	0,0	0,0	0,2	0,0
AcJat	*Actinobacteria: Actinobacteria: Frankiales: Frankiaceae: Jatrophihabitans*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcHgc	*Actinobacteria: Actinobacteria: Frankiales: Sporichthyaceae: hgcI clade*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
AcBra	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Dermabacteraceae: Brachybacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcJan	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Intrasporangiaceae: Janibacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcAgr	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Microbacteriaceae: Agrococcus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
AcMic	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Microbacteriaceae: Microbacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
AcMOt	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Micrococcace: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
AcPse	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micrococcales: Micrococcace: Pseudarthrobacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcAct	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micromonosporales: Micromonosporaceae: Actinoplanes*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcDac	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micromonosporales: Micromonosporaceae: Dactylosporangium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcLeu	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micromonosporales: Micromonosporaceae: Luedemannella*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcMsp	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micromonosporales: Micromonosporaceae: Micromonospora*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcMOt	*Actinobacteria: Actinobacteria: Micromonosporales: Micromonosporaceae: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcAcOt	*Actinobacteria: Actinobacteria: Others: Others: Others*	0,0	1,3	12,0	0,3	0,0	0,2
AcKri	*Actinobacteria: Actinobacteria: Propionibacteriales: Nocardioidaceae: Kribbella*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcMar	*Actinobacteria: Actinobacteria: Propionibacteriales: Nocardioidaceae: Marmoricola*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcNoc	*Actinobacteria: Actinobacteria: Propionibacteriales: Nocardioidaceae: Nocardioides*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
AcCut	*Actinobacteria: Actinobacteria: Propionibacteriales: Propionibacteriaceae: Cutibacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	10,5	0,3
AcMl	*Actinobacteria: Actinobacteria: Propionibacteriales: Propionibacteriaceae: Microlunatus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcPsc	*Actinobacteria: Actinobacteria: Pseudonocardiales: Pseudonocardiaceae: Pseudonocardia*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
AcKit	*Actinobacteria: Actinobacteria: Streptomycetales: Streptomycetaceae: Kitasatospora*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcStr	*Actinobacteria: Actinobacteria: Streptomycetales: Streptomycetaceae: Streptomyces*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
AcGOt	*Actinobacteria: Others: Others: Others: Others*	0,6	20,7	4,6	0,3	0,2	0,2

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
AcCon	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Solirubrobacterales: Solirubrobacteraceae: Conexibacter*	1,8	0,4	1,8	1,1	0,3	0,1
AcSol	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Solirubrobacterales: Solirubrobacteraceae: Solirubrobacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
AcTOt	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Others: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
AcGa	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Gaiellales: Gaiellaceae: Gaiella*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,1
AcTh	*Actinobacteria: Thermoleophilia: Thermophilales: Thermoleophilaceae: Thermoleophilum*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
ArAr	*Armatimonadetes: Armatimonadia: Armatimonadales: Armatimonadaceae: Armatimonas*	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ArCh	*Armatimonadetes: Chthonomonadetes: Chthonomonadales: Chthonomonadaceae: Chthonomonas*	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ArAr5	*Armatimonadetes: Fimbriimonadia: Fimbriimonadales: Fimbriimonadaceae: Armatimonadetes bacterium 55-13*	0,4	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaBac	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Bacteroidaceae: Bacteroides*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
BaBut	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Marinifilaceae: Butyricimonas*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaBalOt	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaP9	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Prevotellaceae: Prevotella 9*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaAl	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Bacteroidales: Rikenellaceae: Alistipes*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaChi	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Chitinophagaceae: Chitinophaga*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,1
BaDin	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Chitinophagaceae: Dinghuibacter*	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
BaFla	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Chitinophagaceae: Flavisolibacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
BaNia	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Chitinophagaceae: Niastella*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
BaCGOt	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Chitinophagaceae: Others*	1,6	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0
BaSed	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Chitinophagaceae: Sediminibacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,7	0,0
BaTai	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Chitinophagaceae: Taibaiella*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
BaCOt	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Chitinophagales: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaChr	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales: Microscillaceae: Chryseolinea*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaHym	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales: Hymenobacteraceae: Hymenobacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaCyOt	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaArc	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Cytophagales: Spirosomaceae: Arcicella*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaFla	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales: Flavobacteriaceae: Flavobacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	0,0
BaFlu	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales: Crocinitomicaceae: Fluviicola*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaChr	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales: Weeksellaceae: Chryseobacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaFOt	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Flavobacteriales: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BaMuc	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Sphingobacteriales: Sphingobacteriaceae: Mucilaginibacter*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
BaBacOt	*Bacteroidetes: Bacteroidia: Others: Others: Others*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
ChKo	*Chloroflexi: Chloroflexia: Chloroflexales: Roseiflexaceae: Kouleothrix*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,7	0,0
CyN	*Cyanobacteria: Oxyphotobacteria: Nostocales: Nostocaceae: Nostoc PCC-73102*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
CyNO	*Cyanobacteria: Oxyphotobacteria: Nostocales: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
CyOOt	*Cyanobacteria: Oxyphotobacteria: Others: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
FiAno	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Bacillaceae: Anoxybacillus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiBac	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Bacillaceae: Bacillus*	0,0	0,0	0,0	0,0	1,3	0,1
FiBOth	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Bacillaceae: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
FiGem	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Family XI: Gemella*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiPa	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Paenibacillaceae: Paenibacillus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
FiVir	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Planococcaceae: Viridibacillus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiSt	*Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Staphylococcaceae: Staphylococcus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,9	0,2
FiLab	*Firmicutes: Bacilli: Lactobacillales: Lactobacillaceae: Lactobacillus*	0,0	0,0	0,3	0,0	7,0	0,4
FiLac	*Firmicutes: Bacilli: Lactobacillales: Streptococcaceae: Lactococcus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiStr	*Firmicutes: Bacilli: Lactobacillales: Streptococcaceae: Streptococcus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
FiCR7	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Christensenellaceae: Christensenellaceae R-7 group*	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0	0,1
FiC12	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Clostridiaceae 1: Clostridium sensu stricto 12*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,4
FiC13	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Clostridiaceae 1: Clostridium sensu stricto 13*	0,0	0,0	0,0	0,7	0,0	0,0
FiAnc	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Family XI: Anaerococcus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiAns	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Lachnospiraceae: Anaerostipes*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
FiBla	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Lachnospiraceae: Blautia*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiMar	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Lachnospiraceae: Marvinbryantia*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiCOt	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiFa	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Faecalibacterium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
FiOs	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Oscillibacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiCROt	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiR1	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Ruminiclostridium 1*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
FiR5	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Ruminiclostridium 5*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
FiR2	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Ruminococcaceae UCG-002*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
FiR14	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Ruminococcaceae UCG-014*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,9	0,0
FiSub	*Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Subdoligranulum*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0
FiSyn	*Firmicutes: Clostridia: Thermoanaerobacterales: Thermoanaerobacteraceae: Syntrophaceticus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2
GeGem	*Gemmatimonadetes: Gemmatimonadetes: Gemmatimonadales: Gemmatimonadaceae: Gemmatimonas*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0
GeLon	*Gemmatimonadetes: Longimicrobia: Longimicrobiales: Longimicrobiaceae: Longimicrobium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
OtOt	*Others: Others: Others: Others: Others*	13,4	17,4	2,1	0,6	1,9	0,4
PaOt	*Patescibacteria: Saccharimonadia: Saccharimonadales: Saccharimonadaceae: Others*	0,0	0,6	1,3	0,0	0,0	0,0
PlPhOt	*Planctomycetes: Phycisphaerae: Phycisphaerales: Phycisphaeraceae: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PlWDOt	*Planctomycetes: Phycisphaerae: Tepidisphaerales: WD2101 soil group: Others*	2,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PlPlE	*Planctomycetes: Phycisphaerae: Tepidisphaerales: WD2101 soil group: Planctomycetales bacterium Ellin6207*	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PlPlL	*Planctomycetes: Phycisphaerae: Tepidisphaerales: WD2101 soil group: Planctomycetia bacterium LP82*	0,9	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0
PlGem	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Gemmatales: Gemmataceae: Gemmata*	0,5	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
PlGemOt	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Gemmatales: Gemmataceae: Others*	0,7	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PlAq	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Isosphaerales:Isosphaeraceae: Aquisphaera*	1,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PlSin	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Isosphaerales:Isosphaeraceae: Singulisphaera*	2,2	0,0	0,7	0,0	0,1	0,0
PlPir	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Pirellulales: Pirellulaceae: Pirellula*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PlPlOt	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Planctomycetales: Others: Others*	0,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PlSH	*Planctomycetes: Planctomycetacia: Planctomycetales: Rubinisphaeraceae: SH-PL14*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
PrAlAcs	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Acetobacterales: Acetobacteraceae: Acidicaldus*	1,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrAlAcm	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Acetobacterales: Acetobacteraceae: Acidiphilium*	0,6	0,1	0,6	0,2	0,0	0,0
PrAlAca	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Acetobacterales: Acetobacteraceae: Acidisphaera*	0,0	1,1	0,0	0,0	0,0	0,0
PrAlAcl	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Acetobacterales: Acetobacteraceae: Acidocella*	0,0	1,1	0,0	0,0	0,0	0,0
PrAlAcOt	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Acetobacterales: Acetobacteraceae: Others*	1,0	1,1	1,6	0,0	0,0	0,0
PrAlRh	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Acetobacterales: Acetobacteraceae: Rhodopila*	0,2	0,4	0,4	0,0	0,0	0,0
PrAlNi	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Azospirillales: Azospirillaceae: Nitrospirillum*	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrAlPh	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Caulobacterales: Caulobacteraceae: Phenylobacterium*	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrAlRh	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Micropepsales: Micropepsaceae: Rhizomicrobium*	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrAlOt	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Others: Others: Others*	0,2	0,8	6,6	49,8	0,4	0,1
PrAlMe	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Beijerinckiaceae: Methylocystis*	0,0	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0
PrAlRo	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Beijerinckiaceae: Roseiarcus*	1,8	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
PrAlDe	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Devosiaceae: Devosia*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrAlHy	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Hyphomicrobiaceae: Hyphomicrobium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrAlKa	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Kaistiaceae: Kaistia*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrAlNe	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Rhizobiaceae: Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,8	0,1
PrAlMes	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Rhizobiaceae: Mesorhizobium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,1
PrAlBr	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Xanthobacteraceae: Bradyrhizobium*	1,2	0,0	0,0	0,0	0,3	0,1
PrAlXRh	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Xanthobacteraceae: Rhodoplanes*	1,0	0,4	0,0	0,1	0,0	0,0
PrAlTa	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Xanthobacteraceae: Tardiphaga*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
PrAlROt	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Rhizobiales: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
PrAlNo	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Sphingomonadales: Sphingomonadaceae: Novosphingobium*	0,0	0,1	0,3	0,0	0,0	0,0
PrAlSp	*Proteobacteria: Alphaproteobacteria: Sphingomonadales: Sphingomonadaceae: Sphingomonas*	0,0	0,0	0,0	0,0	20,0	0,9
PrDBd	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Bdellovibrionales: Bdellovibrionaceae: Bdellovibrio*	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrDGe	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Desulfuromonadales: Geobacteraceae: Geobacter*	0,0	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0
PrDAn	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcale: Archangiaceae: Anaeromyxobacter*	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrDSB	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcale: BIrii41: Sorangiineae bacterium NIC37A 2*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
PrDHa	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcale: Haliangiaceae: Haliangium*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
PrDAg	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcale: Myxococcaceae: Aggregicoccus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrDMOt	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcale: Others: Others*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrDPh	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcale: Phaselicystidaceae: Phaselicystis*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrDPa	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcale: Polyangiaceae: Pajaroellobacter*	1,6	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrDSa	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Myxococcale: Sandaracinaceae: Sandaracinus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrDBG	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Oligoflexales: 0319-6G20: Bdellovibrionales bacterium GWC1 52 8*	0,2	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrDOt	*Proteobacteria: Deltaproteobacteria: Others: Others: Others*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrGBu	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*	0,2	0,0	0,0	0,0	0,6	0,0
PrGCus	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Cupriavidus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
PrGCur	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Curvibacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	1,2	0,1
PrGDe	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Delftia*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
PrGHe	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Herbaspirillum*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0
PrGMa	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Massilia*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0
PrGPan	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Pandoraea*	0,0	0,7	0,1	0,0	0,0	0,0
PrGPac	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Paucibacter*	4,6	0,3	0,3	0,2	3,0	87,8
PrGPo	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Polaromonas*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
PrGRa	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Burkholderiaceae: Ralstonia*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
PrGPau	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Chromobacteriaceae: Paludibacterium*	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0	0,0
PrGHy	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Hydrogenophilaceae: Hydrogenophilus*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0
PrGMe	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Methylophilaceae: Methylotenera*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrGNe	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Neisseriaceae: Neisseria*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrGGO	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Nitrosomonadaceae: GOUTA6*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrGROt	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Betaproteobacteriales: Rhodocyclaceae: Otherss*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
PrGAq	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Diplorickettsiales: Diplorickettsiaceae: Aquicella*	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrGEs	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Enterobacterales: Enterobacteriaceae: Escherichia-Shigella Sodalis*	0,0	0,0	0,1	0,0	2,8	0,2
PrGAcd	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Gammaproteobacteria Incertae Sedis: Unknown Family: Acidibacter*	0,0	0,0	0,0	1,0	0,0	0,0
PrGOt	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Others: Others: Others*	2,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrGAcn	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Pseudomonadales: Moraxellaceae: Acinetobacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	1,4	0,1
PrGEn	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Pseudomonadales: Moraxellaceae: Enhydrobacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0
PrGPs	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Pseudomonadales: Pseudomonadaceae: Pseudomonas*	0,0	0,0	0,0	0,0	1,5	0,1
PrGSOt	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Steroidobacterales: Others: Others*	0,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PrGSSOt	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Steroidobacterales: Steroidobacteraceae: Others*	1,2	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0

Table S5, continued.

Abbreviation	Taxon unit (*Phylum: Class: Order: Family: Genus*)	Peat horizon depth, cm					
		10-20	30-40	50-60	70-80	90-100	100-110
		Share of 16S rRNA gene sequences in % of the number of obtained sequences					
PrGLu	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Xanthomonadales: Rhodanobacteraceae: Luteibacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
PrGSt	*Proteobacteria: Gammaproteobacteria: Xanthomonadales: Xanthomonadaceae: Stenotrophomonas*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
PrOt	*Proteobacteria: Others: Others: Others: Others*	1,2	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
VCU	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Chthoniobacterales: Chthoniobacteraceae: Candidatus Udaeobacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0
VCh	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Chthoniobacterales: Chthoniobacteraceae: Chthoniobacter*	1,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
VF	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Chthoniobacterales: Terrimicrobiaceae: FukuN18 freshwater group*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
VCX	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Chthoniobacterales: Xiphinematobacteraceae: Candidatus Xiphinematobacter*	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
VCM	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Methylacidiphilales: Methylacidiphilaceae: Candidatus Methylacidiphilum*	3,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
VLa	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Opitutales: Opitutaceae: Lacunisphaera*	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
VVOt	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Others: Others: Others*	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
VPeOt	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Pedosphaerales: Pedosphaeraceae: Others*	1,1	0,4	0,0	0,0	0,1	0,0
VPe	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Pedosphaerales: Pedosphaeraceae: Pedosphaera*	0,9	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0
VAk	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Verrucomicrobiales: Akkermansiaceae: Akkermansia*	0,0	0,0	0,0	0,0	4,0	0,2
VLu	*Verrucomicrobia: Verrucomicrobiae: Verrucomicrobiales: Rubritaleaceae: Luteolibacter*	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0

Table S6. Most pronounced pairwise correlations between class of microorganisms and peat and peat water/ice chemical components.

	***Eu Meth**		***Th Nit**		***Ac**		***Ac6**		***Ac Aci**		***Ac Act**
CeW	1.00	CrW	1.00	IW pH	-0.97	CuP	0.88	AlW	-0.91	ZrP	0.92
LaW	0.99	BP	1.00	UV254	0.92	CrP	0.88	DP	-0.90		
DyW	0.99	ZrW	1.00	IW DIC	0.94	NiW	0.88	L*	0.89		
UW	0.99	MnW	1.00			ZnW	0.88	CO-alk	0.90		
YW	0.98	NbW	1.00			CoW	0.89	IW SUVA	0.91		
YbW	0.96	TiW	1.00			BaW	0.90	FeP	0.91		
NbW	0.95	VW	0.99			SrW	0.91	MgP	0.94		
TiW	0.95	CsW	0.99			CuW	0.92	^{15}N	0.97		
CrW	0.95	SbW	0.99			SiW	0.93				
ZrW	0.95	NaW	0.99			CeW	0.94				
BP	0.94	YbW	0.98			MgW	0.95				
SbW	0.94	Ccarb	0.98			LaW	0.96				
CoP	0.94	LiW	0.98			RbW	0.96				
Ccarb	0.93	YW	0.98			DyW	0.96				
VW	0.93	FeW	0.98			UW	0.97				
MnW	0.92	KW	0.97			KW	0.97				
Cs_w	0.92	UW	0.97			FeW	0.98				
Mo_w	0.92	DyW	0.96			YW	0.98				
NaW	0.90	RbW	0.96			LiW	0.98				
LiW	0.90	LaW	0.96			Ccarb	0.98				
KW	0.88	MgW	0.95			YbW	0.98				
FeW	0.88	CeW	0.94			NaW	0.99				
		SiW	0.93			SbW	0.99				
		CuW	0.92			CsW	0.99				
		SrW	0.91			VW	0.99				
		BaW	0.90			TiW	1.00				
		CoW	0.89			NbW	1.00				
		ZnW	0.88			MnW	1.00				
		NiW	0.88			ZrW	1.00				
		CrP	0.88			BP	1.00				
		CuP	0.88			CrW	1.00				

Table S6, continued.

	*Act		*Act		*Ar		*ArC		*ArFi		*Bac		*Chl
	Ot		Th										
CaP	0.94	YbP	0.93	SbP	1.00	SbP	1.00	KP	0.99	ZrP	0.97	CrW	1.00
SrP	0.93	LiP	0.91	PbP	1.00	PbP	1.00	AsP	0.99	IW pH	0.96	BP	1.00
				AsP	0.99	AsP	0.99	PbP	0.99	Ccarb	0.96	ZrW	1.00
				KP	0.99	KP	0.99	SbP	0.98	SbW	0.95	MnW	1.00
				NaP	0.98	NaP	0.98	RbP	0.98	AlP	0.92	NbW	1.00
				CsP	0.98	CsP	0.98	CsP	0.98	MnW	0.90	TiW	1.00
				RbP	0.98	RbP	0.98	MeAn	0.98	BP	0.90	VW	0.99
				MeAn	0.97	MeAn	0.97	NaP	0.97	ZrW	0.90	CsW	0.99
				CeP	0.93	CeP	0.93	TiP	0.94	YW	0.90	SbW	0.99
				MaxAn	0.92	MaxAn	0.92	CeP	0.94	CrW	0.89	NaW	0.99
				PP	0.91	PP	0.91	LaP	0.93	NbW	0.89	YbW	0.98
				Plab	0.91	Plab	0.91	DyP	0.91			Ccarb	0.98
				LaP	0.91	LaP	0.91	13C	0.90			LiW	0.98
				13C	0.90	13C	0.90	YP	0.90			YW	0.98
				DyP	0.89	DyP	0.89	MaxAn	0.89			FeW	0.98
				YP	0.89	YP	0.89	MnP	0.88			KW	0.97
				TiP	0.88	TiP	0.88	BD	-0.89			UW	0.97
												DyW	0.96
												RbW	0.96
												LaW	0.96
												MgW	0.95
												CeW	0.94
												SiW	0.93
												CuW	0.92
												SrW	0.91
												BaW	0.90
												CoW	0.89
												ZnW	0.88
												NiW	0.88
												CrP	0.88
												CuP	0.88

Table S6, continued.

	*Cy Ot		*Fir B		*Fir Cl		*Gem		*Ot		*Pl Ph
CrW	1.00	CrW	1.00	CsW	1.00	CrW	1.00	FeP	0.99	PbP	1.00
BP	1.00	ZrW	1.00	LiW	1.00	BP	1.00	MgP	0.97	SbP	1.00
ZrW	1.00	MnW	1.00	BP	1.00	ZrW	1.00	CdP	0.95	AsP	0.99
MnW	1.00	NbW	1.00	FeW	1.00	MnW	1.00	IW SUVA	0.92	NaP	0.99
NbW	1.00	BP	1.00	MnW	0.99	NbW	1.00	SrP	0.88	MeAn	0.99
TiW	1.00	TiW	1.00	KW	0.99	TiW	1.00	CaP	0.88	KP	0.99
VW	0.99	VW	0.99	NaW	0.99	VW	0.99	15N	0.88	CsP	0.97
CsW	0.99	CsW	0.99	VW	0.99	CsW	0.99			RbP	0.97
SbW	0.99	NaW	0.99	CrW	0.99	SbW	0.99			MaxAn	0.94
NaW	0.99	SbW	0.99	RbW	0.99	NaW	0.99			Plab	0.93
YbW	0.98	YbW	0.99	TiW	0.98	YbW	0.98			PP	0.93
Ccarb	0.98	Ccarb	0.98	ZrW	0.98	Ccarb	0.98			13C	0.92
LiW	0.98	LiW	0.98	MgW	0.98	LiW	0.98			CeP	0.92
YW	0.98	YW	0.98	NbW	0.98	YW	0.98			LaP	0.90
FeW	0.98	FeW	0.98	SbW	0.97	FeW	0.98			DyP	0.89
KW	0.97	KW	0.97	SiW	0.97	KW	0.97			MnP	0.89
UW	0.97	UW	0.97	YbW	0.96	UW	0.97				
DyW	0.96	DyW	0.96	Ccarb	0.95	DyW	0.96				
RbW	0.96	RbW	0.96	UW	0.95	RbW	0.96				
LaW	0.96	LaW	0.95	YW	0.95	LaW	0.96				
MgW	0.95	MgW	0.95	SrW	0.94	MgW	0.95				
CeW	0.94	CeW	0.94	CoW	0.93	CeW	0.94				
SiW	0.93	SiW	0.93	DyW	0.93	SiW	0.93				
CuW	0.92	CuW	0.93	LaW	0.93	CuW	0.92				
SrW	0.91	SrW	0.91	NiW	0.93	SrW	0.91				
BaW	0.90	BaW	0.91	CuP	0.92	BaW	0.90				
CoW	0.89	ZnW	0.89	IW DOC	0.92	CoW	0.89				
ZnW	0.88	CoW	0.89	ZnW	0.91	ZnW	0.88				
NiW	0.88	CrP	0.89	CaW	0.91	NiW	0.88				
CrP	0.88	NiW	0.88	CeW	0.91	CrP	0.88				
CuP	0.88	ZrP	0.88	CrP	0.91	CuP	0.88				
					0.91						
					0.90						
					0.89						

Table S6, continued.

	***PlPl**		***ProA**		***ProD**		***ProG**		***ProOt**		***Ver**
KP	1.00	AlW	0.96	TiP	0.92	IW pH	1.00	KP	0.97	TiP	0.95
RbP	1.00	N	0.95	MeAn	0.92	AlP	0.92	TiP	0.97	KP	0.92
CsP	1.00	NiP	0.94	KP	0.90	ZrP	0.92	AsP	0.96	MeAn	0.92
PbP	0.99	PW	0.93	NaP	0.89	IW DIC	-0.90	MeAn	0.95	NaP	0.89
SbP	0.98	PbW	0.92	13C	0.89	UV254	-0.90	RbP	0.95	AsP	0.89
AsP	0.98							CsP	0.95	RbP	0.89
NaP	0.98							PbP	0.95	CsP	0.89
CeP	0.97							SbP	0.94	PbP	0.89
LaP	0.96							NaP	0.94		
MeAn	0.95							LaP	0.92		
DyP	0.95							CeP	0.92		
YP	0.94							DyP	0.89		
TiP	0.93							13C	0.88		
MnP	0.91							YP	0.88		
13C	0.90							BD	-0.91		
MaxAn	0.88										