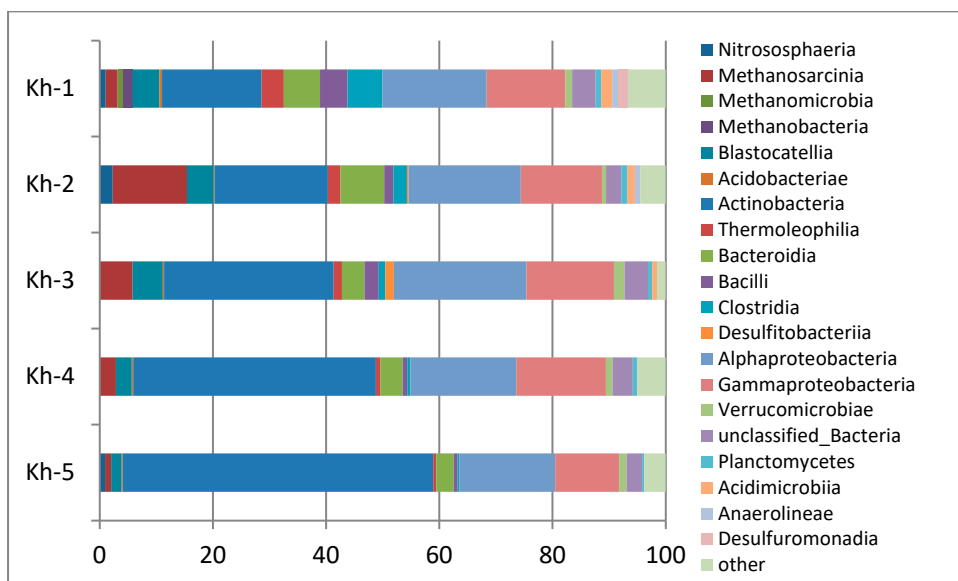
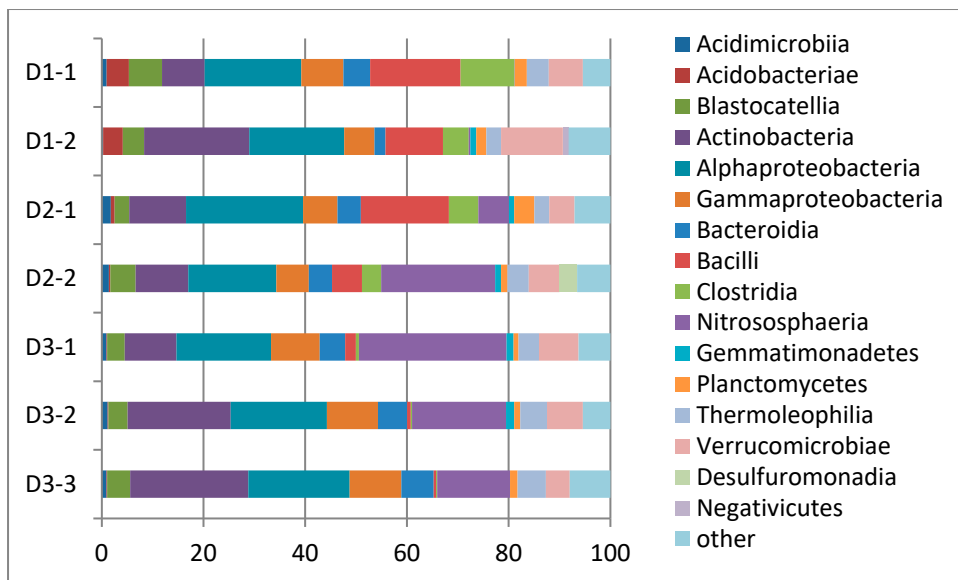
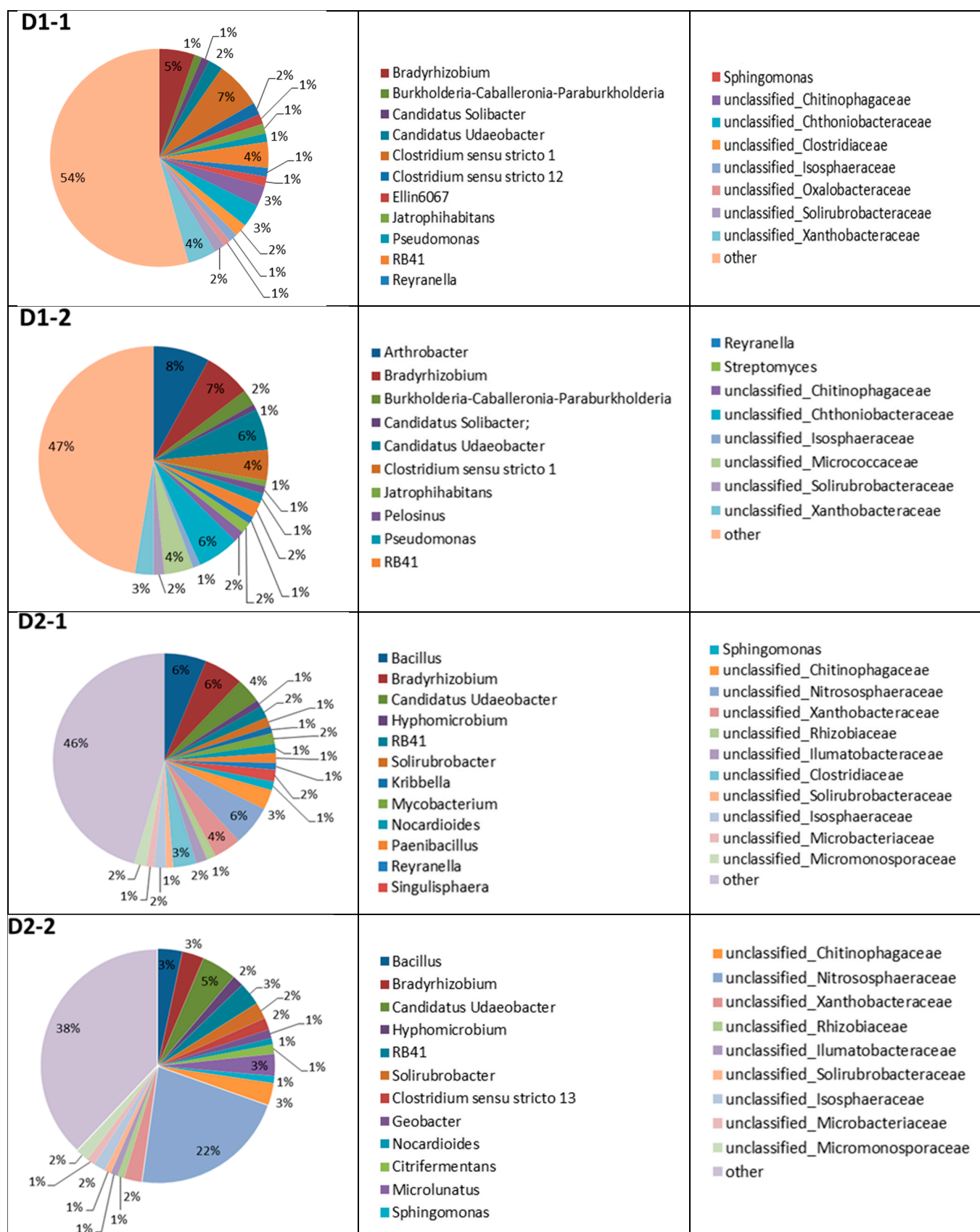


**Figure S1** Regression tree analysis for assessing the effects of each environmental variables (a) and sample sites clustering (b). TOC – total organic carbon, T – soil temperature, W – soil humidity.

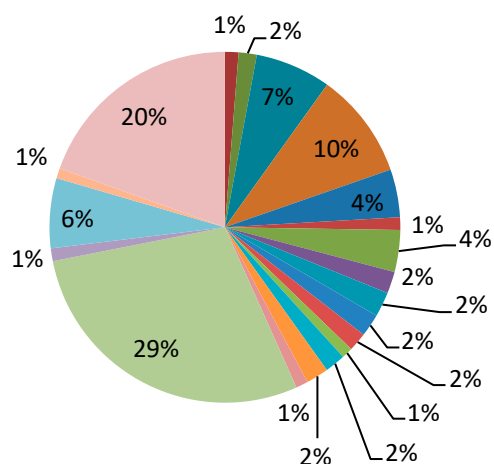


**Figure S2** Relative abundance of bacteria and archaea on the class level in permafrost soils along Darkhituy-Khaimisan transect.



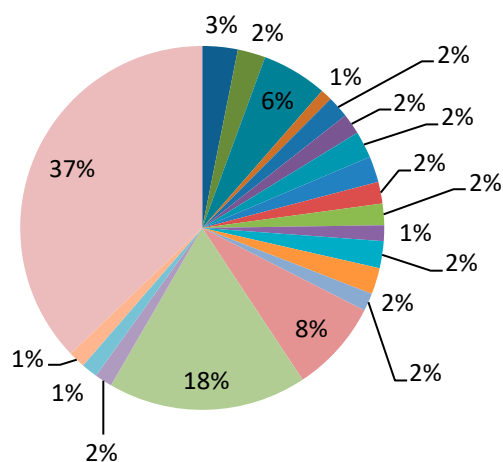
**Figure S3** Relative abundance of bacteria and archaea on the genus level in Darkhituy soils (Sites D1 and D2).

### D3-1



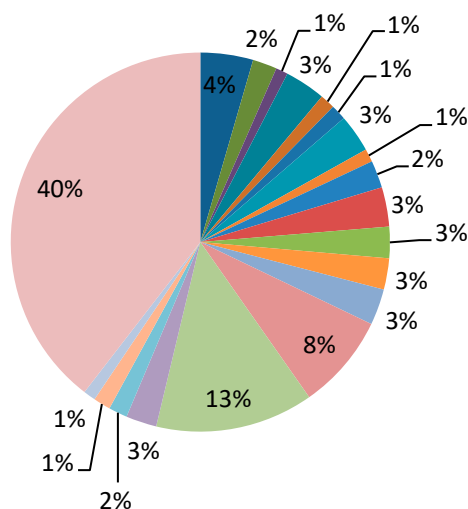
- Bacillus
- Bradyrhizobium
- Candidatus Udaeobacter
- Nocardioides
- Microlunatus
- Flavobacterium
- Hyphomicrobium
- Lysobacter
- RB41
- Solirubrobacter
- Sphingomonas
- Terrimonas
- unclassified\_Chitinophagaceae
- unclassified\_Comamonadaceae
- unclassified\_Micrococcaceae
- unclassified\_Nitrososphaeraceae
- unclassified\_Rhizobiaceae
- unclassified\_Xanthobacteraceae
- unclassified\_Solirubrobacteraceae
- other

### D3-2



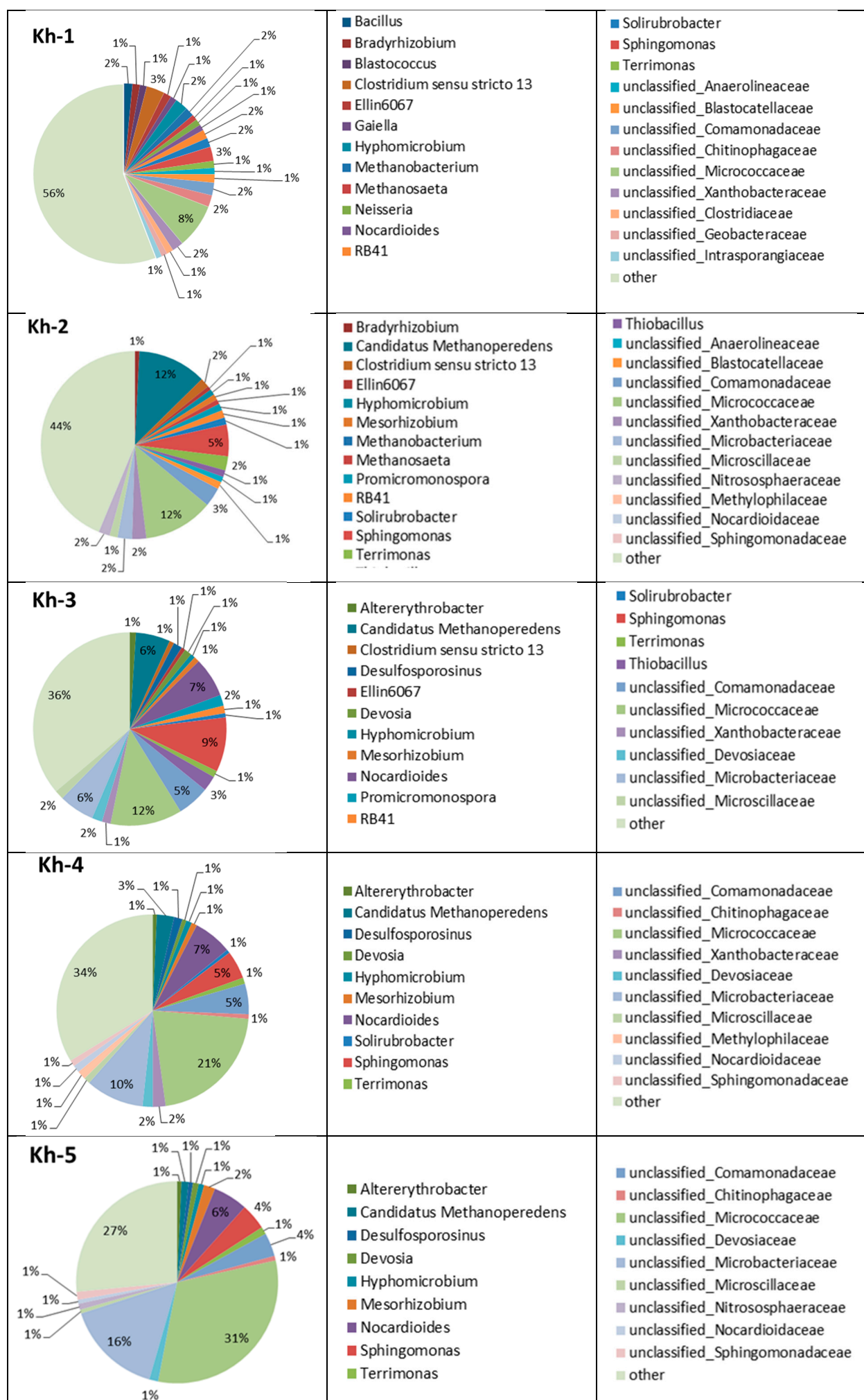
- Agromyces
- Bradyrhizobium
- Candidatus Udaeobacter
- Nocardioides
- Microlunatus
- Lysobacter
- RB41
- Solirubrobacter
- Sphingomonas
- Terrimonas
- Pseudoxanthomonas
- unclassified\_Chitinophagaceae
- unclassified\_Comamonadaceae
- unclassified\_Microbacteriaceae
- unclassified\_Micrococcaceae
- unclassified\_Nitrososphaeraceae
- unclassified\_Rhizobiaceae
- unclassified\_Xanthobacteraceae
- unclassified\_Solirubrobacteraceae
- other

### D3-3



- Agromyces
- Bradyrhizobium
- Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium
- Candidatus Udaeobacter
- Nocardioides
- Microlunatus
- RB41
- Cellulosimicrobium
- Solirubrobacter
- Sphingomonas
- Terrimonas
- unclassified\_Comamonadaceae
- unclassified\_Microbacteriaceae
- unclassified\_Micrococcaceae
- unclassified\_Nitrososphaeraceae
- unclassified\_Rhizobiaceae
- unclassified\_Xanthobacteraceae
- unclassified\_Solirubrobacteraceae
- unclassified\_Pirellulaceae
- other

**Figure S4** Relative abundance of bacteria and archaea on the genus level in Darkhituy soils (Site D3).



**Figure S5** Relative abundance of bacteria and archaea on the genus level in Khaimisan soil.

**Table S1** Characteristics of the samples collected from sampling sites of the Darkhituy-Khaimisan transect.

Sampling site	Depth, cm	T, °C	W, %
D1	at the soil surface	6.4±0.1	-
	0-5	1.6±0.1	110.46
	5-15*	0.1	65.86±14.64
	17-25*; permafrost at 17 cm	-0.5	62.56±12.01
D2	at the soil surface	5.8±1.3	-
	0-5	5.2±1.2	110.19
	5-15*	2.0±0.2	64.43±7.51
	15-26	0.2±0.008	70.04±1.91
	27-37*; permafrost at 27 cm	-0.4	70.61±1.22
D3	at the soil surface	5.7±1.86	-
	0-5	5.1±1.2	39.34±1.2
	5-10*	4.0±1.1	18.35±0.7
	10-20*	2.1±0.4	19.05±0.4
	20-30*	0.9±0.01	19.23±0.9
	30-40; permafrost at 37 cm	-0.1	19.72±0.7
D4	at the soil surface	14.2	-
	0-10*	9.6±1.5	41.97±9.46
	10-30*	4.1±1.1	23.6±2.9
	30-50*	1.6±0.4	15.36±2.0
	50-70*; permafrost at 67 cm	0.2	32.72
	68-75*; permafrost	-0.2	22.12

“-“ not determined; \*samples selected for molecular genetic studies.

**Table S2** Relative abundance (%) of microbial phyla in soil community of the Darkhituy-Khaimisan transect

Phylum	D1-1	D1-2	D2-1	D2-2	D3-1	D3-2	D3-3	Kh-1	Kh-2	Kh-3	Kh-4	Kh-5
<i>Crenarchaeota</i>	0.05	0.32	6.38	22.42	29.04	18.48	14.33	1.06	2.29	0.07	0.03	0.94
<i>Halobacterota</i>	0	0	0	0	0	0	0	3.66	14.05	5.86	2.87	1.09
<i>Euryarchaeota</i>	0	0	0	0	0	0	0	1.61	0.35	0	0.15	0
<i>Thermoplasmatota</i>	0	0	0	0	0	0	0	0.37	0.19	0	0	0
<i>Acidobacteriota</i>	10.9	8.21	3.63	5.38	3.74	4	4.93	5.48	5.14	4.83	3.4	2.41
<i>Actinobacteriota</i>	12.64	23.59	16.49	16.6	16.03	28.36	30.99	24.16	23.99	32.46	44.17	55.64
<i>Bacteroidota</i>	5.27	2.17	4.6	4.56	5.03	5.72	6.37	6.68	7.74	4.21	3.88	3.15
<i>Desulfobacterota</i>	0.05	0.27	0.1	3.46	0.27	0.1	0.17	1.92	0.69	0.58	0.32	0.19
<i>Chloroflexi</i>	0	0.02	0	0.06	0.17	0.14	0.1	1.49	0.95	0.29	0.55	0.27
<i>Firmicutes</i>	29.24	17.53	23.34	10.15	2.82	1.17	0.83	11.79	4.37	4.3	2.95	1.87
<i>Gemmatimonadota</i>	1.67	1.18	1.03	1.16	1.38	1.61	1.77	0.36	0.2	0.26	0.035	0.036
<i>Planctomycetota</i>	2.38	1.98	3.98	1.27	0.97	1.17	1.48	1.02	1.12	0.74	0.77	0.41
<i>Proteobacteria; Alphaproteobacteria</i>	19.02	18.65	23.02	17.3	18.615	18.9	19.93	18.44	19.83	23.42	18.7	16.95
<i>Proteobacteria; Gammaproteobacteria</i>	8.28	5.95	6.77	6.4	9.56	10.04	10.17	13.94	14.38	15.49	15.84	11.3
<i>Verrucomicrobiota</i>	6.71	12.15	4.96	6.05	7.77	7.08	4.7	1.17	0.7	1.16	1.15	1.29
<i>Myxococcota</i>	0.19	0.31	0.69	0.62	0.07	0.17	0.001	1.25	0.29	0.26	0.14	0.35
<i>Nitrospirota</i>	0.05	0	0.02	0.14	0.07	0.36	0.5	0.85	0.63	0.51	0.84	1.01
<i>Fibrobacterota</i>	0	0	0	0	0.026	0.04	0.04	0.08	0.1	0.87	0.59	0.24
<i>Patescibacteria</i>	0	0	0	0.04	0.17	0	0	0.05	0.02	0.14	0	0
<i>Bdellovibrionota</i>	0	0	0	0	0.05	0	0	0.04	0	0.09	0	0
<i>Campilobacterota</i>	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0
<i>Fusobacteriota</i>	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0	0	0
<i>Methyloirabilota</i>	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0.04	0	0	0
unclassified_Bacteria	3.54	5.73	4.65	4.31	3.99	2.6	3.39	4.16	2.68	4.17	3.61	2.75
other	0.01	1.94	0.34	0.08	0.23	0.06	0.3	0.09	0.15	0.3	0	0.11

**Table S3** Relationships of microbial community compositions at the phylum level with environmental variables as revealed by Mantel test. Values only significant correlations presented ( $P < 0.05$ ).

<b>Phylum</b>	<b>Depth</b>	<b>T, °C</b>	<b>W, %</b>	<b>pH</b>
<i>Euryarchaeota</i>		0.754		
<i>Halobacterota</i>				0.433
<i>Thermoplasmatota</i>		0.736		
<i>Actinobacteriota</i>	0.799			0.405
<i>Bacteroidota</i>		0.386		
<i>Chloroflexi</i>		0.665		0.544
<i>Firmicutes</i>			0.729	0.400
<i>Fibrobacterota</i>	0.370			0.342
<i>Fusobacteriota</i>		0.660		
<i>Gemmatimonadota</i>	0.376			0.725
<i>Methyloirabilota</i>		0.594		0.366
<i>Nitrospirota</i>	0.393			0.830
<i>Planctomycetota</i>			0.451	0.540
<i>Gammaproteobacteria</i>			0.434	0.763
<i>Verrucomicrobiota</i>				0.748
<i>Campilobacterota</i>		0.695		



**Table S4** Correlation matrix for microbial richness and environmental variables as revealed by Spearman Correlation analysis.

	depth	T,°C	W, %	pH	TOC
depth	1				
T,°C	-0,467	1,000			
W, %	-0,301	-0,312	1,000		
pH	0,533	0,422	-0,582	1,000	
TOC	-0,492	0,508	-0,373	-0,168	1,000
ASVs number	-0,398	0,735	0,020	0,313	0,459
Shannon index	-0,775	0,584	0,285	-0,130	0,373
Simpson index	-0,674	0,553	0,407	-0,121	0,284
<i>Nitrososphaeraceae</i>	-0,329	0,073	-0,134	-0,328	0,587
<i>Methanobacteriaceae</i>	-0,327	0,868	0,012	0,453	0,140
<i>Methanocellaceae</i>	-0,333	0,859	-0,041	0,515	0,087
<i>Methanoregulaceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
unclassified_ <i>Methanomicrobiales</i>	-0,323	0,853	0,040	0,405	0,166
<i>Methanoperedenaceae</i>	0,179	0,125	-0,384	0,592	-0,294
<i>Methanosaetaceae</i>	-0,305	0,797	-0,108	0,563	0,021
<i>Methanosarcinaceae</i>	-0,333	0,871	0,004	0,462	0,134
unclassified_ <i>Methanosarciniales</i>	-0,090	0,179	-0,207	0,369	-0,177
<i>Methanomassiliicoccaceae</i>	-0,335	0,872	-0,010	0,480	0,120
unclassified_ <i>Methanomassiliicoccales</i>	-0,090	0,179	-0,207	0,369	-0,177
<i>Acidobacteriaceae</i> (Subgroup 1)	-0,296	-0,314	0,600	-0,611	-0,335
unclassified_ <i>Acidobacteriales</i>	-0,241	-0,325	0,549	-0,602	-0,394
<i>Solibacteraceae</i>	-0,389	-0,366	0,779	-0,753	-0,297
<i>Bryobacteraceae</i> ;	0,868	-0,290	-0,220	0,469	-0,267
<i>Blastocatellaceae</i>	-0,370	0,818	-0,248	0,538	0,148
unclassified_ <i>Blastocatellia</i>	0,414	0,346	-0,596	0,840	-0,138
<i>Pyrinomonadaceae</i>	-0,411	0,092	0,018	-0,297	0,140
<i>Vicinamibacteraceae</i>	0,296	0,134	-0,623	0,553	-0,050
<i>Thermoanaerobaculaceae</i>	-0,125	0,679	-0,162	0,496	0,045
<i>Ilumatobacteraceae</i>	-0,329	0,091	0,588	-0,056	-0,166
<i>Micrococcaceae</i>	0,860	-0,064	-0,566	0,763	-0,233
<i>Promicromonosporaceae</i>	0,161	0,146	-0,655	0,497	-0,097
<i>Microbacteriaceae</i>	0,889	-0,307	-0,559	0,530	-0,178
<i>Intrasporangiaceae</i>	0,158	0,683	-0,207	0,812	-0,095
<i>Cellulomonadaceae</i>	0,610	-0,154	-0,166	0,578	-0,315
<i>Mycobacteriaceae</i>	-0,605	0,101	0,547	-0,511	0,390
<i>Nocardiaceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
<i>Glycomycetaceae</i>	0,540	-0,144	-0,290	0,435	-0,251
<i>Acidothermaceae</i>	-0,239	-0,185	0,402	-0,421	-0,242
<i>Frankiaceae</i>	-0,308	-0,329	0,615	-0,646	-0,325
<i>Geodermatophilaceae</i>	-0,356	0,858	0,011	0,476	0,128
<i>Sporichthyaceae</i>	-0,197	-0,176	0,315	-0,310	0,256
unclassified_ <i>Frankiales</i>	-0,461	-0,370	0,745	-0,803	-0,110
<i>Kineosporiaceae</i>	-0,270	-0,210	0,475	-0,369	0,202
<i>Micromonosporaceae</i>	-0,322	-0,320	0,728	-0,636	0,113
<i>Nocardiodiaceae</i>	0,501	0,063	-0,609	0,424	0,307
<i>Propionibacteriaceae</i>	-0,250	-0,014	0,036	-0,319	0,421
<i>Pseudonocardiaceae</i>	-0,689	0,590	0,452	-0,212	0,469
<i>Streptomyacetaceae</i>	0,112	-0,354	0,267	-0,292	-0,384

<i>Streptosporangiaceae</i>	-0,317	-0,143	0,513	-0,395	0,257
<i>Thermomonosporaceae</i>	-0,264	-0,269	0,507	-0,508	0,147
<i>Actinomycetaceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
<i>Gaiellaceae</i>	-0,519	0,606	0,318	0,028	-0,065
<i>Solirubrobacteraceae</i>	-0,713	0,145	0,161	-0,600	0,458
<i>Rubrobacteriaceae</i>	-0,347	0,079	0,031	-0,361	0,605
<i>Chitinophagaceae</i>	-0,626	0,251	0,092	-0,216	0,199
<i>Flavobacteriaceae</i>	-0,273	0,326	-0,361	-0,134	0,710
<i>Weeksellaceae</i>	-0,194	0,086	-0,016	0,171	-0,030
<i>Crocinitomicaceae</i>	-0,284	0,288	-0,283	-0,175	0,653
<i>Sphingobacteriaceae</i>	-0,112	0,257	-0,415	0,205	0,359
<i>Microscillaceae</i>	0,441	0,186	-0,685	0,798	-0,184
<i>Spirosomaceae</i>	-0,284	0,288	-0,283	-0,175	0,653
<i>Hymenobacteraceae</i>	0,514	-0,058	-0,460	0,628	-0,341
<i>Cyclobacteriaceae</i>	0,834	-0,252	-0,329	0,549	-0,313
unclassified_ <i>Cytophagales</i>	-0,253	-0,223	0,405	-0,426	0,306
<i>Prevotellaceae</i>	-0,255	0,823	0,010	0,411	0,179
<i>Porphyromonadaceae</i>	-0,163	0,789	0,016	0,456	0,136
<i>Ignavibacteriaceae</i>	0,238	0,577	-0,164	0,674	-0,042
<i>Alicyclobacillaceae</i>	-0,301	-0,191	0,560	-0,505	-0,425
<i>Bacillaceae</i>	-0,341	-0,033	0,567	-0,346	0,257
unclassified_ <i>Bacillales</i>	-0,362	-0,383	0,729	-0,735	-0,244
<i>Planococcaceae</i>	-0,493	0,382	0,209	-0,239	0,660
<i>Streptococcaceae</i>	-0,196	0,817	-0,054	0,470	0,165
<i>Paenibacillaceae</i>	-0,189	-0,331	0,576	-0,461	0,016
<i>Thermoactinomycetaceae</i>	-0,319	-0,001	0,468	-0,264	-0,412
<i>Staphylococcaceae</i>	-0,009	0,709	-0,194	0,558	0,074
<i>Clostridiaceae</i>	-0,507	-0,017	0,793	-0,504	-0,263
<i>Christensenellaceae</i>	0,209	-0,015	-0,326	0,293	-0,161
<i>Peptostreptococcaceae</i>	-0,197	-0,200	0,640	-0,313	0,019
<i>Anaerovoracaceae</i>	0,045	-0,246	0,470	-0,100	-0,327
<i>Lachnospiraceae</i>	0,072	0,725	-0,114	0,684	-0,001
<i>Thermincolaceae</i>	-0,263	0,820	0,040	0,400	0,167
<i>Sporomusaceae</i>	-0,190	-0,295	0,621	-0,508	-0,484
<i>Veillonellaceae</i>	-0,221	0,802	0,044	0,425	0,148
<i>Symbiobacteraceae</i>	-0,269	-0,231	0,469	-0,512	-0,287
<i>Desulfitobacteriaceae</i>	0,724	-0,123	-0,418	0,626	-0,262
<i>Acetobacteraceae</i>	-0,360	-0,226	0,615	-0,569	-0,287
<i>Inquilinaceae</i>	-0,239	-0,173	0,381	-0,369	0,288
<i>Azospirillaceae</i>	-0,347	0,870	-0,057	0,507	0,117
<i>Caulobacteraceae</i>	0,142	0,450	-0,435	0,570	0,287
<i>Hyphomonadaceae</i>	-0,393	0,730	0,204	0,211	0,285
<i>Dongiaceae</i>	-0,563	0,578	0,415	0,044	0,217
<i>Micropepsaceae</i>	-0,330	-0,368	0,755	-0,627	-0,011
<i>Reyranellaceae</i>	-0,327	-0,436	0,629	-0,801	-0,076
<i>Beijerinckiaceae</i>	-0,625	0,281	0,466	-0,448	0,044
<i>Devosiaceae</i>	0,819	-0,122	-0,585	0,730	-0,268
<i>Hyphomicrobiaceae</i>	-0,385	0,552	-0,203	-0,005	0,690
<i>Rhizobiaceae</i>	-0,128	0,135	-0,482	0,018	0,563
<i>Labraceae</i>	-0,372	0,017	0,167	-0,423	0,629
unclassified_ <i>Rhizobiales</i>	0,046	0,468	-0,706	0,580	0,313
<i>Xanthobacteraceae</i>	-0,540	-0,310	0,750	-0,889	0,031

<i>Rhodomicrobiaceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
<i>Sphingomonadaceae</i>	0,595	0,061	-0,753	0,758	-0,155
<i>Rhodobacteraceae</i>	-0,015	-0,088	-0,270	-0,089	0,061
<i>Burkholderiaceae</i>	-0,204	-0,355	0,621	-0,604	-0,361
<i>Alcaligenaceae</i>	-0,239	-0,173	0,381	-0,369	0,288
<i>Comamonadaceae</i>	0,624	0,152	-0,769	0,843	-0,094
<i>Hydrogenophilaceae</i>	0,320	0,025	-0,447	0,540	-0,280
<i>Neisseriaceae</i>	-0,253	0,823	0,020	0,409	0,180
<i>Nitrosomonadaceae</i>	-0,087	0,318	0,026	0,471	-0,364
<i>Oxalobacteraceae</i>	0,032	-0,006	0,175	0,153	-0,485
<i>Sutterellaceae</i>	-0,293	0,831	-0,094	0,565	0,105
<i>Methylophilaceae</i>	0,539	-0,171	-0,140	0,353	-0,209
unclassified_Burkholderiales	0,728	0,024	-0,337	0,787	-0,402
<i>Diplorickettsiaceae</i>	-0,305	-0,148	0,110	-0,423	0,489
<i>Legionellaceae</i>	-0,185	-0,237	0,372	-0,545	-0,146
<i>Methylomonadaceae</i>	0,580	-0,159	-0,160	0,433	-0,247
<i>Pasteurellaceae</i>	-0,144	0,788	-0,062	0,478	0,175
<i>Pseudomonadaceae</i>	-0,407	-0,361	0,470	-0,825	-0,119
<i>Moraxellaceae</i>	0,086	-0,122	-0,285	-0,030	0,026
<i>Steroidobacteraceae</i>	-0,087	0,381	0,057	0,192	0,470
<i>Rhodanobacteraceae</i>	-0,523	0,656	0,196	0,113	0,388
<i>Xanthomonadaceae</i>	-0,138	0,265	-0,678	-0,021	0,769
unclassified_Xanthomonadales	-0,324	-0,269	0,668	-0,544	0,108
<i>Geobacteraceae</i>	-0,090	0,156	0,418	0,131	-0,257
<i>Syntrophobacteraceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
<i>Syntrophorhabdaceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
<i>Desulfocapsaceae</i>	0,480	-0,030	-0,404	0,657	-0,354
<i>Desulfomonilaceae</i>	0,517	-0,132	-0,308	0,434	-0,250
unclassified_Syntrophales	0,209	-0,015	-0,326	0,293	-0,161
<i>Gemmatimonadaceae</i>	-0,610	-0,182	0,259	-0,843	0,332
<i>Myxococcaceae</i>	-0,339	0,838	-0,224	0,543	0,129
unclassified_Myxococcales	-0,208	0,080	0,361	-0,223	-0,229
<i>Anaeromyxobacteraceae</i>	-0,162	0,211	0,403	0,050	-0,097
<i>Polyangiaceae</i>	-0,232	0,240	0,490	0,017	-0,032
<i>Haliangiaceae</i>	-0,024	0,105	0,418	0,048	0,103
<i>Nannocystaceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
<i>Nitrospiraceae</i>	0,319	0,561	-0,587	0,898	-0,062
<i>Leptospirillaceae</i>	0,876	-0,276	-0,263	0,566	-0,299
<i>Gemmataceae</i>	-0,501	-0,240	0,820	-0,703	-0,142
<i>Isosphaeraceae</i>	-0,297	-0,438	0,763	-0,701	-0,093
<i>Pirellulaceae</i>	-0,438	0,249	-0,312	-0,047	0,490
<i>Rubinisphaeraceae</i>	-0,430	0,711	0,195	0,241	0,266
<i>Chthoniobacteraceae</i>	-0,500	-0,281	0,434	-0,866	0,164
<i>Pedosphaeraceae</i>	-0,294	-0,376	0,541	-0,649	-0,332
<i>Opitutaceae</i>	0,917	-0,228	-0,419	0,704	-0,374
<i>Rubritaleaceae</i>	0,529	0,396	-0,694	0,795	0,111
<i>Verrucomicrobiaceae</i>	-0,090	0,179	-0,207	0,369	-0,177
<i>Ktedonobacteraceae</i>	-0,090	-0,258	0,354	-0,386	-0,313
<i>Anaerolineaceae</i>	0,009	0,750	-0,316	0,796	-0,004
<i>Caldilineaceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
<i>Saccharimonadaceae</i>	-0,146	0,397	-0,380	0,178	0,390
<i>Bacteriovoraceae</i>	-0,078	0,456	-0,405	0,319	0,249

<i>Fibrobacteraceae</i>	0,610	-0,094	-0,416	0,536	-0,240
<i>Fusobacteriaceae</i>	-0,268	0,651	-0,168	0,535	-0,039
<i>Leptotrichiaceae</i>	-0,141	0,757	0,031	0,458	0,118
<i>Campylobacteraceae</i>	-0,314	0,834	0,057	0,372	0,180
<i>Methylospiraceae</i>	-0,137	0,781	-0,052	0,595	0,036

---