

D_0_Archaea:D_1_Bathyarchaeota:D_2_uncultured archaeon

D_0_Archaea:D_1_Diapherotrites;D_2_Diapherotrites Incertae Sedis

D_0_Archaea:D_1_Euryarchaeota:D_2_Methanobacteria

D_0_Archaea:D_1_Euryarchaeota:D_2_Methanomicrobia

D_0_Archaea:D_1_Euryarchaeota:D_2_Thermoplasmata

D_0_Archaea:D_1_Miscellaneous Euryarchaeotic Group(MEG);D_2_uncultured archaeon

D_0_Archaea:D_1_Parvarchaeota:D_2_uncultured archaeon

D_0_Archaea:D_1_Thaumarchaeota:D_2_FHMa11 terrestrial group

D_0_Archaea:D_1_Thaumarchaeota:D_2_Soil Crenarchaeotic Group(SCG)

D_0_Archaea:D_1_Thaumarchaeota:D_2_South African Gold Mine Gp 1(SAGMCG-1)

D_0_Archaea:D_1_Woesearchaeota (DHVEG-6);D_2_uncultured archaeon

D_0_Archaea:D_1_Woesearchaeota (DHVEG-6);D_2_uncultured euryarchaeote

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_AT-s3-28

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Acidobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Blastocatellia

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Holophagae

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Solibacteres

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 11

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 12

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 13

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 15

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 17

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 18

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 19

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 2

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 20

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 21

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 22

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 25

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 5

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 6

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_Subgroup 9

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:D_2_uncultured Acidobacteria bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Acidobacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_Acidimicrobia

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_Actinobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_Corionobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_KIST-JY010

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_MB-A2-108

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_Nitrospirillum

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_Rubrobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_TakashiAC-B11

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:D_2_Thermoleophilum

D_0_Bacteria:D_1_Actinobacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_Aminicenantetes;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Armatimonadetes;D_2_Armatimonadia

D_0_Bacteria:D_1_Armatimonadetes;D_2_Chthonomonadetes

D_0_Bacteria:D_1_Armatimonadetes;D_2_Fimbrimonadia

D_0_Bacteria:D_1_Armatimonadetes;D_2_uncultured

D_0_Bacteria:D_1_BJ169;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_BRC1;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_BRC1;D_2_uncultured organism

D_0_Bacteria:D_1_BRC1;Other

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_Bacteroidetes BD2-2

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_Bacteroidetes Incertae Sedis

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_Bacteroidetes VC2.1 Bac22

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_Bacteroidetes vadinHA17

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_Bacteroidia

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_Cytophagia

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_Flavobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_SB-5

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_SM1A07

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_Sphingobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;D_2_WCHB1-32

D_0_Bacteria:D_1_Bacteroidetes;Other

D_0_Bacteria:D_1_Candidatus Berkelbacteria;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Candidatus Berkelbacteria;D_2_uncultured soil bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Candidatus Berkelbacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_Chlamydiae;D_2_Chlamydiae

D_0_Bacteria:D_1_Chlamydiae;D_2_LD1-PA32

D_0_Bacteria:D_1_Chlorobi;D_2_Chlorobia

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_1-20

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_Anaerolineae

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_Ardenticatonia

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_Caldilineae

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_Chloroflexia

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_Elev-1554

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_Gitt-GS-136

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_JG30-KF-CM66

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_JG37-AG-4

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_KD4-96

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_Ktedonobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_MSB-5E12

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_ML52-31

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_P2-11E

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_S085

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_SAR202 clade

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_SBR2076

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_SHA-26

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_SJA-15

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_TK10

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_Thermomicrobia

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi;D_2_uncultured Bellilinea sp.

D_0_Bacteria:D_1_Chloroflexi:Other

D_0_Bacteria:D_1_Cyanobacteria;D_2_Chloroplast

D_0_Bacteria:D_1_Cyanobacteria;D_2_Cyanobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Cyanobacteria;D_2_ML635J-21

D_0_Bacteria:D_1_Cyanobacteria;D_2_Melainabacteria

D_0_Bacteria:D_1_Deferribacteres;D_2_Deferribacteres Incertae Sedis

D_0_Bacteria:D_1_Deinococcus-Thermus;D_2_Deinococci

D_0_Bacteria:D_1_Elusimicrobia;D_2_Elusimicrobia

D_0_Bacteria:D_1_FBP;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_FBP;D_2_uncultured soil bacterium

D_0_Bacteria:D_1_FBP;Other

D_0_Bacteria:D_1_FCPU426;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Fibrobacteres;D_2_Chitinivibronia

D_0_Bacteria:D_1_Fibrobacteres;D_2_Fibrobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Firmicutes;D_2_Bacilli

D_0_Bacteria:D_1_Firmicutes;D_2_Clostridia

D_0_Bacteria:D_1_Firmicutes;D_2_Erysipelotrichia

D_0_Bacteria:D_1_Firmicutes;D_2_Limnochordia

D_0_Bacteria:D_1_Firmicutes;D_2_Negativicutes

D_0_Bacteria:D_1_Fusobacteria;D_2_Fusobacteria

D_0_Bacteria:D_1_GAL15;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Gemmatimonadetes;D_2_AKAU4049

D_0_Bacteria:D_1_Gemmatimonadetes;D_2_BD2-11 terrestrial group

D_0_Bacteria:D_1_Gemmatimonadetes;D_2_Gemmatimonadetes

D_0_Bacteria:D_1_Gemmatimonadetes;D_2_Longimicrobia

D_0_Bacteria:D_1_Gemmatimonadetes;D_2_S0134 terrestrial group

D_0_Bacteria:D_1_Gracilbacteria;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Gracilbacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_Hydrogenedentes;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Hydrogenedentes;D_2_uncultured organism

D_0_Bacteria:D_1_Hydrogenedentes:Other

D_0_Bacteria:D_1_Ignavibacteriae;D_2_Ignavibacteria

D_0_Bacteria:D_1_Latescibacteria;Ambiguous_taxa

D_0_Bacteria:D_1_Latescibacteria;D_2_Latescibacteria Incertae Sedis

D_0_Bacteria:D_1_Latescibacteria;D_2_uncultured Latescibacteria bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Latescibacteria;D_2_uncultured Pelobacter sp.

D_0_Bacteria:D_1_Latescibacteria;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Latescibacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_Lentisphaerae;D_2_Oligosphaeria

D_0_Bacteria:D_1_Microgenomates;D_2_Candidatus Curtissbacteria

D_0_Bacteria:D_1_Microgenomates;D_2_Candidatus Daviesbacteria

D_0_Bacteria:D_1_Microgenomates;D_2_Candidatus Pacebacteria

D_0_Bacteria:D_1_Microgenomates;D_2_Candidatus Woesebacteria

D_0_Bacteria:D_1_Microgenomates;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Microgenomates;D_2_uncultured candidate division W56 bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Microgenomates;D_2_uncultured soil bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Microgenomates:Other

D_0_Bacteria:D_1_Nitrospirae;D_2_Nitrospira

D_0_Bacteria:D_1_Omnitrophica;D_2_Omnitrophica Incertae Sedis

D_0_Bacteria:D_1_Omnitrophica;D_2_uncultured Firmicutes bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Omnitrophica;D_2_uncultured Omnitrophica bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Omnitrophica;D_2_uncultured Verrucomicrobia bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Omnitrophica;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Omnitrophica:Other

D_0_Bacteria:D_1_PAUC34f;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_Candidatus Adlerbacteria

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_Candidatus Azambacteria

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_Candidatus Campbellbacteria

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_Candidatus Giovannonibacteria

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_Candidatus Magasankbacteria

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_Candidatus Moranbacteria

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_Candidatus Nomurabacteria

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_Candidatus Uhrbacteria

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_uncultured Parcubacteria group bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Parcubacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_Peregrinibacteria;D_2_Candidatus Peribacteria

D_0_Bacteria:D_1_Peregrinibacteria;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Peregrinibacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_Plantcomycetes;D_2_O28H05-P-BN-P5

D_0_Bacteria:D_1_Plantcomycetes;D_2_BD7-11

D_0_Bacteria:D_1_Plantcomycetes;D_2_OM190

D_0_Bacteria:D_1_Plantcomycetes;D_2_Phycisphaerae

D_0_Bacteria:D_1_Plantcomycetes;D_2_Pla3 lineage

D_0_Bacteria:D_1_Plantcomycetes;D_2_Pla4 lineage

D_0_Bacteria:D_1_Plantcomycetes;D_2_Plantcomycetacia

D_0_Bacteria:D_1_Plantcomycetes;D_2_vadinHA49

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_Alphaproteobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_Betaproteobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_Deltaproteobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_Elev-165-509

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_Epsilonproteobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_Gammaproteobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_JTB23

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_Proteobacteria Incertae Sedis

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria;D_2_SPOTS0CT00m83

D_0_Bacteria:D_1_Proteobacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_RBG-1 (Zixibacteria);Ambiguous_taxa

D_0_Bacteria:D_1_RBG-1 (Zixibacteria);D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_RsaHf231;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_SBR1093;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_SR1 (Absconditabacteria);Ambiguous_taxa

D_0_Bacteria:D_1_SR1 (Absconditabacteria);D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_SR1 (Absconditabacteria);D_2_uncultured candidate division SR1 bacterium

D_0_Bacteria:D_1_SR1 (Absconditabacteria);Other

D_0_Bacteria:D_1_Saccharibacteria;D_2_uncultured Candidatus Saccharibacteria bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Saccharibacteria;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Saccharibacteria;D_2_uncultured soil bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Saccharibacteria:Other

D_0_Bacteria:D_1_Spirochaetes;D_2_Spirochaetes

D_0_Bacteria:D_1_Synergistetes;D_2_Synergistia

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);Ambiguous_taxa

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);D_2_uncultured Acidobacteria bacterium

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);D_2_uncultured Candidatus Dependentiae bacterium

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);D_2_uncultured Nautiliales bacterium

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);D_2_uncultured deep-sea bacterium

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);D_2_uncultured organism

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);D_2_uncultured proteobacterium

D_0_Bacteria:D_1_TM6 (Dependentiae);Other

D_0_Bacteria:D_1_Tectomicrobia;D_2_Tectomicrobia Incertae Sedis

D_0_Bacteria:D_1_Tectomicrobia;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_Tenacitales;D_2_Mollicutes

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia;D_2_OPB35 soil group

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia;D_2_Optutae

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia;D_2_S-BQ2-S7 soil group

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia;D_2_Spartobacteria

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia;D_2_UA11

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia;D_2_Verrucomicrobia Incertae Sedis

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia;D_2_Verrucomicrobiae

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia;D_2_WCHB1-41

D_0_Bacteria:D_1_Verrucomicrobia:Other

D_0_Bacteria:D_1_WS1;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_WS2;D_2_uncultured organism

D_0_Bacteria:D_1_WS2;Other

D_0_Bacteria:D_1_WWE3;Ambiguous_taxa

D_0_Bacteria:D_1_WWE3;D_2_uncultured bacterium

D_0_Bacteria:D_1_WWE3;Other

D_0_Bacteria:Other;Other

Unassigned;Other;Other