

Supplementary Table 1. Phylogenetic compositions of clone libraries of 16S rRNA gene sequences for root- and tuber-associated bacteria of 8 potato genotypes

Phylogenetic composition ^a	Clone libraries															
	Root							Tuber								
	R1 ^b	R2	R3	M1	M2	S1	S2	S3	R1	R2	R3	M1	M2	S1	S2	S3
Actinobacteria	11.5	9.1	8.7	3.7**	11.8	8.6	6.1	9.6	3.0	3.8	2.3	10.3	8.7	15.2**	13.6**	23.2**
Actinobacteria	11.5	9.1	8.7	3.7**	11.8	8.6	6.1	9.6	3.0	3.8	2.3	10.3	8.7	15.2**	13.6**	23.2**
Actinobacteridae	11.5	9.1	8.7	3.7**	11.8	8.6	6.1	9.6	3.0	3.8	2.3	10.3	8.7	15.2**	13.6**	23.2**
Actinomycetales	11.5	9.1	8.1	3.7**	11.8	8.6	6.1	9.0	3.0	3.8	2.3	9.3	8.7	15.2**	13.6**	23.2**
Corynebacterineae	4.5	3.0	3.5	0.6*	3.5	4.0	1.8	2.3	1.5	3.8	-	5.2	7.2	13.0**	9.9**	21.1**
Mycobacteriaceae	2.6	-	0.6	-	-	-*	-	0.6	-	1.9	-	5.2	-	1.1	-	1.1
<i>Mycobacterium</i>	2.6	-	0.6	-	-	-*	-	0.6	-	1.9	-	5.2	-	1.1	-	1.1
Nocardiaceae	1.9	3.0	2.9	0.6	3.5	4.0	1.8	1.7	1.5	1.9	-	-	7.2	12.0**	8.6*	20.0**
<i>Rhodococcus</i>	1.9	3.0	2.9	-	3.5	4.0	1.2	1.7	1.5	1.9	-	-	1.4	12.0**	8.6*	20.0**
<i>Nocardia</i>	-	-	-	0.6	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Smaragdiccoccus</i>	-	-	-	-	-	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Corynebacterineae	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.2	-
Streptomycineae	3.8	1.8	2.3	0.6	4.1	0.6*	1.8	1.1	-	-	2.3	-	1.4	1.1	1.2	-
Streptomycetaceae	3.8	1.8	2.3	0.6	4.1	0.6*	1.8	1.1	-	-	2.3	-	1.4	1.1	1.2	-
<i>Streptomyces</i>	3.8	1.2	2.3	-*	4.1	0.6*	1.2	1.1	-	-	2.3	-	1.4	1.1	1.2	-
<i>Kitasatospora</i>	-	0.6	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Streptomycetaceae	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Propionibacterineae	0.6	-	0.6	-	-	0.6	0.6	-	0.7	-	-	-	-	-	-	-
Nocardioidaceae	0.6	-	-	-	-	0.6	0.6	-	0.7	-	-	-	-	-	-	-
<i>Nocardioides</i>	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Aeromicrobium</i>	0.6	-	-	-	-	-	-	-	0.7	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Nocarioidaceae	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Probionibacteriaceae	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Propionibacterium</i>	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Micrococcineae	1.9	4.2	1.7	2.5	2.9	2.9	1.8	4.0	0.7	-	-	3.1	-	1.1	2.5	2.1
Microbacteriaceae	-	1.2	-	0.6	0.6	1.1	-	2.3	-	-	-	2.1	-	-	-	-
<i>Microbacterium</i>	-	-	-	0.6	-	-	-	1.1	-	-	-	1.0	-	-	-	-
<i>Leifsonia</i>	-	1.2	-	-	0.6	0.6	-	-	-	-	-	1.0	-	-	-	-
<i>Plantibacter</i>	-	-	-	-	-	-	-	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Microbacteriaceae	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Micrococcaceae	1.9	3.0	1.7	1.9	2.4	1.7	1.8	1.7	0.7	-	-	1.0	-	1.1	2.5	2.1
<i>Arthrobacter</i>	1.9	3.0	1.7	1.9	2.4	1.7	1.8	1.7	0.7	-	-	1.0	-	1.1	1.2	2.1
<i>Rhothia</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.2	-
Streptosporangineae	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	1.0	-	-	-	-
Thermomonosporaceae	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	1.0	-	-	-	-
<i>Actinocorallia</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.0	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thermomonosporaceae	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Cautenulisporineae	-	-	-	-	1.2	-	-	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
Cautenulisporaceae	-	-	-	-	1.2	-	-	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Cautenulispora</i>	-	-	-	-	1.2	-	-	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
Micromonosporineae	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Micromonosporaceae	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Longispora</i>	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Actinomycetales	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Rubrobacteridae	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Solirubrobacterales	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Solirubrobacterales	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Acidimicrobiales	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.0	-	-	-	-
Acidimicrobiales	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.0	-	-	-	-
Acidimicrobineae	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.0	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Acidimicrobineae	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.0	-	-	-	-
Unclassified Actinobacteria	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Bacteroidetes	-	-	-	-	1.8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Flavobacteria	-	-	-	-	1.8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Flavobacteriales	-	-	-	-	1.8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Flavobacteriaceae	-	-	-	-	1.8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Flavobacterium</i>	-	-	-	-	1.8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Chloroflexi	0.6	-	-	0.6	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ktedonobacteria	0.6	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ktedonobacteriales	0.6	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ktedonobacteraceae	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Ktedonobacter</i>	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Rhizobiaceae	3.2	6.7	13.3**	15.4**	8.8*	22.3**	8.5	16.9**	2.2	1.9	4.7	-	4.3	8.7*	9.9*	5.3
<i>Rhizobium</i>	2.6	6.7	13.3**	14.8**	8.2*	21.1**	7.9*	16.4**	2.2	1.9	4.7	-	4.3	8.7*	9.9*	5.3
<i>Kaistia</i>	0.6	-	-	0.6	0.6	1.1	0.6	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Methylobacteriaceae	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	2.3	6.2**	7.2**	-	2.5	3.2
<i>Methylobacterium</i>	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	2.3	6.2**	7.2**	-	2.5	3.2
Hyphomicrobiaceae	2.6	1.2	1.7	1.9	2.4	1.1	1.2	2.3	-	1.9	-	-	-	1.4	-	1.2
<i>Devosia</i>	1.9	1.2	1.7	1.9	2.4	1.1	1.2	2.3	-	-	-	-	-	1.4	-	1.2
<i>Hyphomicrobium</i>	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	1.9	-	-	-	-	-	-
Brucellaceae	0.6	-	-	1.2	1.2	3.4	-	2.3	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Ochrobactrum</i>	0.6	-	-	1.2	1.2	3.4	-	2.3	-	-	-	-	-	-	-	-
Xanthobacteraceae	-	0.6	0.6	-	0.6	1.1	0.6	0.6	-	-	-	-	-	-	-	1.1
<i>Pseudolabrys</i>	-	0.6	0.6	-	-	-	0.6	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Labrys</i>	-	-	-	-	0.6	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.1
Methylocystaceae	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Methylocystis</i>	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Aurantimonadaceae	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2.3	-	-	-	-	-
<i>Aurantimonas</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2.3	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Rhizobiales	-	-	1.2	-	1.2	0.6	0.6	1.1	0.7	-	-	-	-	-	-	-
Sphingomonadales	0.6	3.0	-	4.9*	2.4	0.6	-	0.1	0.7	22.6**	2.3	-	7.2	-	-	2.1
Sphingomonadaceae	0.6	3.0	-	4.9*	2.4	0.6	-	-	0.7	22.6**	2.3	-	7.2	-	-	2.1
<i>Novosphingobium</i>	-	0.6	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Sphingomonas</i>	-	-	-	3.7*	0.6	0.6	-	-	0.7	22.6**	2.3	-	7.2	-	-	2.1
<i>Sphingobium</i>	-	1.2	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Sphingomonadaceae	0.6	1.2	-	0.6	1.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Rhodospirillales	-	-	-	-	-	-	-	-	0.7	1.9	-	0.1	-	-	-	-
Acetobacteraceae	-	-	-	-	-	-	-	-	0.7	1.9	-	0.1	-	-	-	-
<i>Roseomonas</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	0.7	1.9	-	-	-	-	-	-
<i>Acidisphaera</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.1	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Alphaproteobacteria	-	0.6	-	0.6	2.9	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	1.1
Betaproteobacteria	3.2	10.3*	3.5	7.4	5.9	5.7	8.5	5.6	1.5	5.7	-	1.0	-	4.3	4.9	1.1
Burkholderiales	3.2	9.7*	3.5	7.4	5.9*	5.7	8.5	4.5	1.5	5.7	-	1.0	-	4.3	4.9	1.1
Comamonadaceae	1.3	4.8	-	4.9	2.9	5.1	4.3	1.7	0.7	1.9	-	1.0	-	4.3	4.9	1.1
<i>Variovorax</i>	-	-	-	-	0.6	-	1.2	-	-	-	-	-	-	-	2.5	1.1
<i>Roseateles</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Polaromonas</i>	0.6	3.0	-	1.9	0.6	4.0	2.4	1.1	-	1.9	-	-	-	3.3	2.5	-
<i>Comamonas</i>	-	1.8	-	3.1*	1.8	0.6	0.6	0.6	-	-	-	1.0	-	-	-	-
<i>Delftia</i>	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Acidovorax</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	0.7	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Comamonadaceae	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	1.1	-	-
Oxalobacteraceae	1.3	1.2	0.6	1.2	-	-	1.2	1.1	0.7	3.8	-	-	-	-	-	-
<i>Collimonas</i>	-	1.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Herbaspirillum</i>	1.3	-	-	1.2	-	-	-	0.6	0.7	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Oxalobacteraceae	-	-	0.6	-	-	-	1.2	0.6	-	3.8	-	-	-	-	-	-
Alcaligenaceae	0.6	2.4	1.7	-	-	-	1.2	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pusillimonas</i>	-	1.2	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Achromobacter</i>	-	-	0.6	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Alcaligenaceae	0.6	1.2	1.2	-	-	-	0.0	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
Burkholderiaceae	-	1.2	1.2	1.2	2.9	0.6	1.2	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pandoraea</i>	-	0.6	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Burkholderia</i>	-	0.6	1.2	1.2	1.8	0.6	0.6	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Ralstonia</i>	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Cupriavidus</i>	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Burkholderiales	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shinella</i>	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Betaproteobacteria	-	0.6	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Gammaproteobacteria	33.3	35.2	37.0	37.0	28.2	19.4**	27.4	24.3	5.9	7.6	4.7	6.2	7.2	3.3	2.5	15.8*
Legionellales	18.6	16.4	10.4*	13.0	7.6**	10.9*	12.2*	7.3**	0.7	1.9	-	3.1	-	1.1	-	-
Coxiellaceae	18.6	15.8	9.2*	13.0	7.1**	9.1*	8.5**	6.8**	-	1.9	-	3.1	-	1.1	-	-
<i>Aquicella</i>	18.6	15.8	9.2*	13.0	7.1**	9.1*	7.9**	6.8**	-	1.9	-	3.1	-	1.1	-	-
<i>Coxiella</i>	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Legionellaceae	-	-	1.2	-	0.6	1.7	3.7*	0.6	0.7	-	-	-	-	-	-	-
<i>Legionella</i>	-	-	1.2	-	0.6	1.7	3.7	0.6	0.7	-	-	-	-	-	-	-
Enterobacteriales	-	2.4	4.6**	8.6**	5.3**	1.1	1.2	5.1**	-	-	-	1.0	-	-	-	-
Enterobacteriaceae	-	2.4	4.6**	8.6**	5.3**	1.1	1.2	5.1**	-	-	-	1.0	-	-	-	-
<i>Serratia</i>	-	0.6	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Enterobacter</i>	-	1.2	1.2	1.2	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Citrobacter</i>	-	-	1.7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pantoea</i>	-	-	0.6	3.1*	1.2	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Erwinia</i>	-	-	-	-	1.8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

<i>Pectobacterium</i>	-	-	-	-	1.2	0.6	-	2.3	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Yersinia</i>	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Enterobacteriaceae	-	0.6	1.2	4.3	0.6	0.6	0.0	2.3	-	-	-	1.0	-	-	-	-
Pseudomonadales	-	2.4	3.5*	4.9**	6.5**	1.7	1.2	3.4*	0.7	5.7*	4.7	-	4.3	-	1.2	14.7**
Moraxellaceae	-	-	-	2.5	5.3**	0.6	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	10.5**
<i>Acinetobacter</i>	-	-	-	2.5	5.3**	0.6	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Enhydrobacter</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	10.5**
Pseudomonadaceae	-	2.4	3.5*	2.5	1.2	1.1	1.2	2.8*	0.7	5.7*	4.7	-	4.3	-	1.2	4.2
<i>Pseudomonas</i>	-	2.4	3.5*	2.5	1.2	1.1	1.2	2.8*	0.7	5.7*	4.7	-	4.3	-	1.2	4.2
<i>Rhizobacter</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Xantomonadales	1.3	4.2	0.6	1.2	4.7	0.6	1.2	2.8	4.4	-	-	1.0	1.4	1.1	-	.*
Xantomonadaceae	1.3	4.2	0.6	1.2	4.7	0.6	1.2	2.8	4.4	-	-	1.0	1.4	1.1	-	.*
<i>Rudaea</i>	0.6	1.2	-	-	-	0.6	1.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Stenotrophomonas</i>	-	-	0.6	-	0.6	-	-	0.6	4.4	-	-	-	1.4	-	-	.*
<i>Dokdonella</i>	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Rhodanobacter</i>	0.6	1.8	-	1.2	1.8	-	-	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Lysobacter</i>	-	1.2	-	-	1.8	-	-	-	-	-	-	1.0	-	1.1	-	-
<i>Luteibacter</i>	-	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Xanthomonadaceae	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thiotrichales	0.6	-	0.6	-	-	-	0.6	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Thiotrichales																
incertae sedis	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
thiotrichales	0.6	-	0.6	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Chromatiales	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Chromatiales	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Gammaproteobacteria	12.8	9.7	16.8	9.3	4.1	5.1	11.0	5.1	-	-	-	1.0	1.4	1.1	1.2	1.1
Deltaproteobacteria	6.4	0.6**	5.8	1.2*	1.2*	1.1*	7.3	5.6	-	1.9	-	1.0	-	-	-	-
Myxococcales	5.8	0.6**	5.8	1.2*	1.2*	1.1*	6.7	5.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Cystobacterineae	5.1	0.6*	5.8	1.2	1.2*	1.1*	6.7	5.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Cystobacterineae	5.1	0.6	1.2	-	1.2	1.1	6.7	5.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Sorangiineae	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Sorangiineae	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Bdellovibrionales	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Bdellovibrionaceae	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Bdellovibrio</i>	-	-	-	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Deltaproteobacteria	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	1.9	-	1.0	-	-	-	-
Unclassified																
Proteobacteria	1.3	-	-	0.6	0.6	0.0	1.8	-	0.7	-	-	-	1.4	-	1.2	-
Verrucomicrobia	1.3	1.8	1.2	0.0	3.5	5.7*	3.7	4.0	-	-	-	-	-	2.2	-	-
Spartobacteria	0.6	1.2	-	-	1.8	4.6*	1.8	2.3	-	-	-	-	-	2.2	-	-
Spartobacteria																
genera incertae sedis	0.6	1.2	-	-	1.8	4.6*	1.8	2.3	-	-	-	-	-	2.2	-	-
Opitutae	0.6	0.6	1.2	-	-	0.6	1.2	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
Puniceococcales	0.6	0.6	1.2	-	-	0.6	1.2	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
Puniceococcaceae	0.6	0.6	1.2	-	-	0.6	1.2	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Puniceococcaceae	0.6	0.6	1.2	-	-	0.6	1.2	1.1	-	-	-	-	-	-	-	-
Verrucomicrobiae	-	-	-	-	1.8	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Verrucomicrobiales	-	-	-	-	1.8	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Verrucomicrobiaceae	-	-	-	-	1.8	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Luteolibacter</i>	-	6.0	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Verrucomicrobium</i>	0.6	-	-	-	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Prostheco bacter</i>	1.2	-	-	-	1.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified																
Verrucomicrobia	-	-	-	-	-	-	0.6	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-
Bacteria_incertae_sedis	-	-	-	0.6	1.8	0.6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Unclassified Bacteria	1.9	1.2	1.2	-	-	1.7	2.4	0.6	0.7	-	4.7	1.0	-	2.2	-	-

*Sequences were grouped using the RDP Classifier of the Ribosomal Database Project-II release 11 with a confidence threshold of 80%.

^bR, M and S stand for phenotypes of potato 8 genotypes which are resistant, medium resistant and susceptible to potato scab diseases, respectively. R1, R2, R3, M1, M2, S1, S2 and S3 are designated for clone libraries of 8 potato genotypes (Yukirasha, 02005-10, Snow March, Star Rubi, Snowden, Irish Cobbler, Toyoshiro, and Piruka, respectively). CD stands for the isolate collections derived * and ** indicate statistical significance at the 5% and 1% levels ($P < 0.05$ and $P < 0.01$), respectively, based on the results of Fisher's exact test between R1 and other libraries.

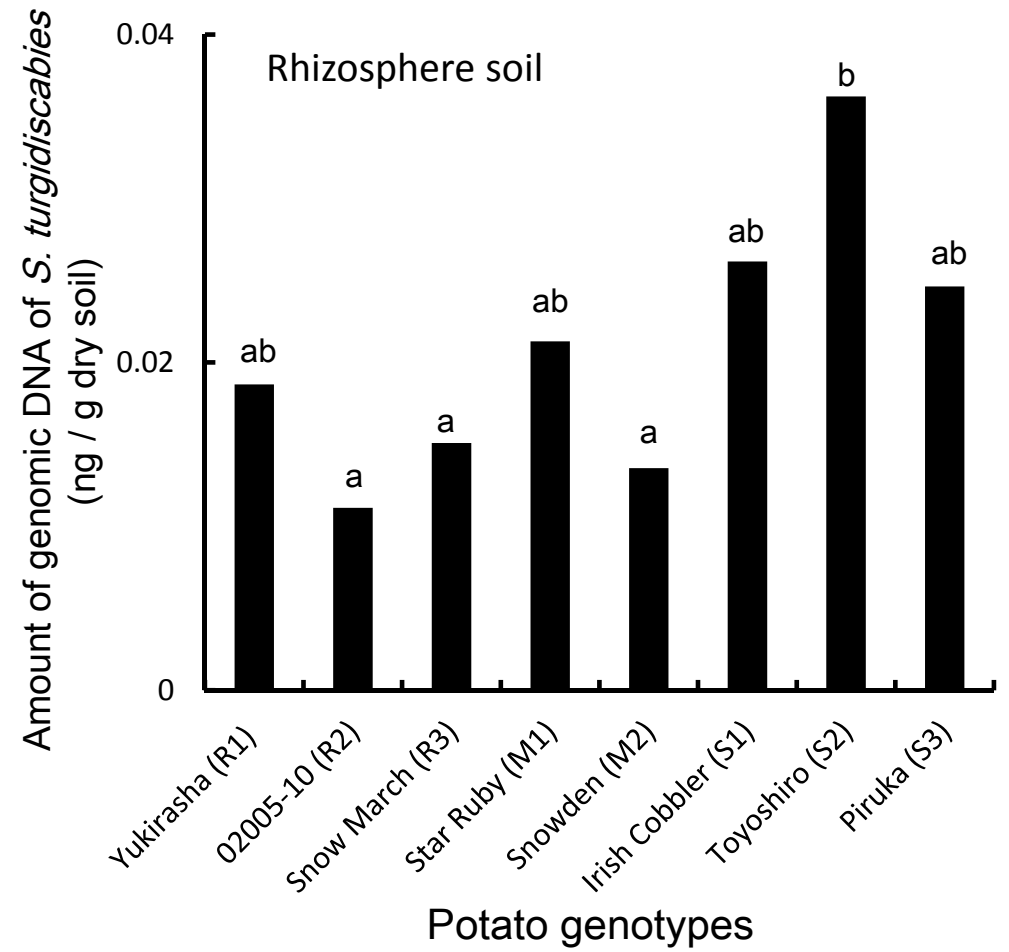
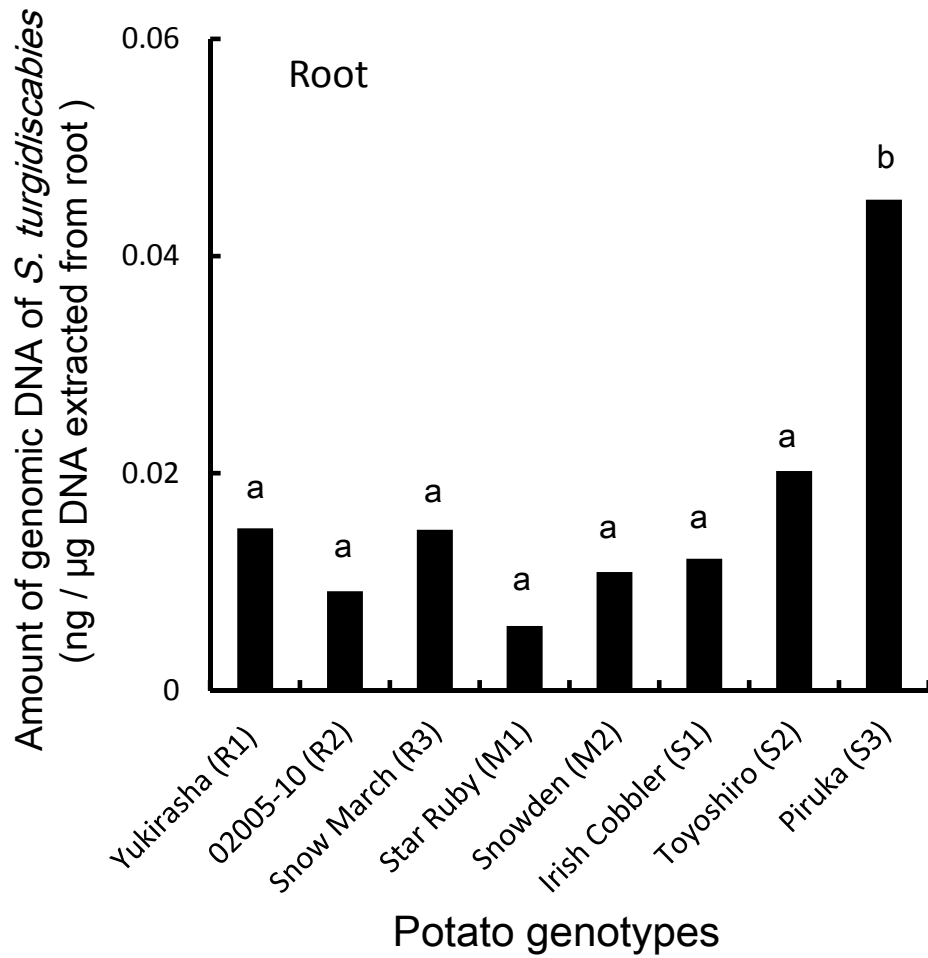
Supplementary Table 3A. Statistical significance for the abundance of the genus *Aquicella* among roots of 8 genotypes of potato plants

	R2 ^a	R3	M1	M2	S1	S2	S3
R1	-	*	-	**	*	**	**
R2		-	-	*	-	*	**
R3			-	-	-	-	-
M1				-	-	-	-
M2					-	-	-
S1						-	-
S2							-

Supplementary Table 3B. Statistical significance for the abundance of the genus *Rhodococcus* among tubers of 8 genotypes of potato plants

	R2 ^a	R3	M1	M2	S1	S2	S3
R1	-	-	-	-	**	**	**
R2		-	-	-	*	-	**
R3			-	-	*	-	**
M1				-	**	**	**
M2					*	-	**
S1						-	-
S2							*

* and ** indicate statistical significance at the 5% and 1% levels ($P < 0.05$ and $P < 0.01$), respectively, calculated with the Library Compare
^aR, M and S stand for phenotypes of potato 8 genotypes which are resistant, medium resistant and susceptible to potato scab diseases, respectively. R1, R2, R3, M1, M2, S1, S2 and S3 are designated for clone libraries of 8 potato genotypes (Yukirasha, 02005-10, Snow March, Star Ruby, Snowden, Irish Cobbler, Toyoshiro, and Piruka,



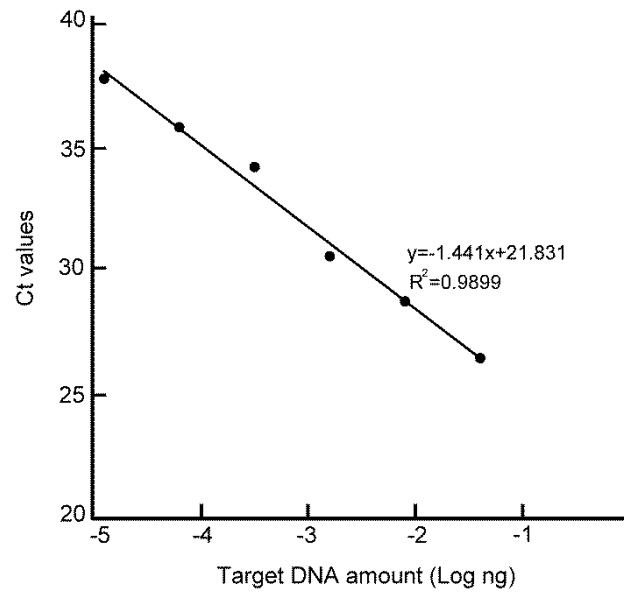


Fig.S2