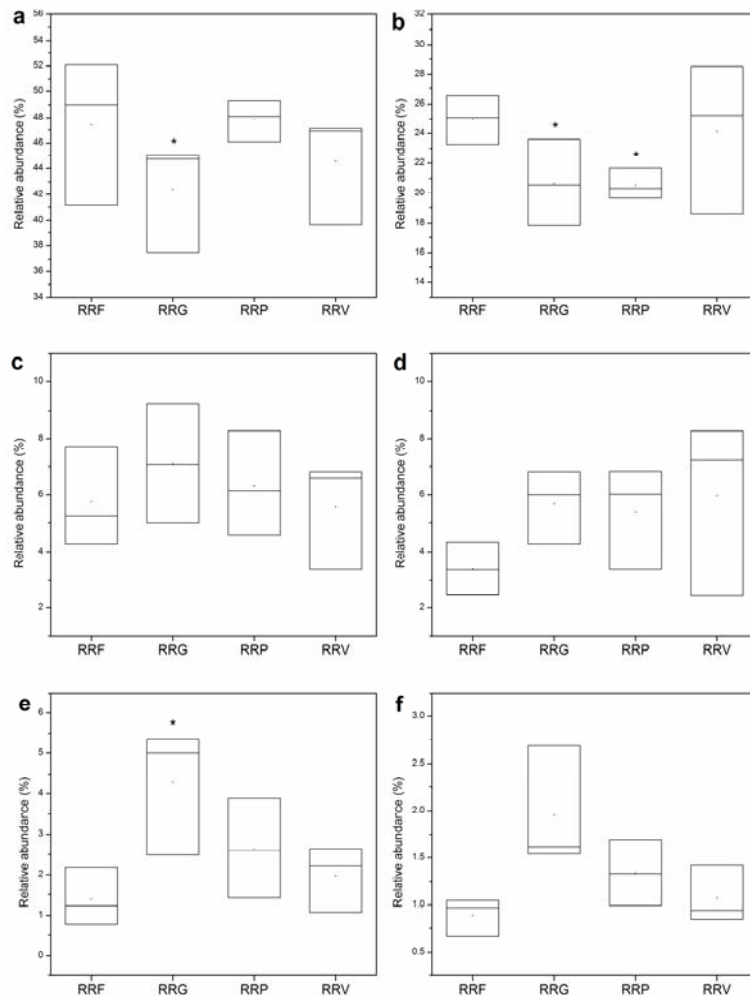


**Appendix A** Microbial compositions at the phylum level of the twelve samples.

Phylum	RRF1	RRF2	RRF3	RRG1	RRG2	RRG3	RRP1	RRP2	RRP3	RRV1	RRV2	RRV3
Crenarchaeota	0.00	0.00	0.01	0.04	0.01	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
Acidobacteria	23.28	25.10	26.53	17.85	20.57	23.61	19.67	21.66	20.34	28.50	18.62	25.25
Actinobacteria	3.35	2.45	4.34	6.84	6.00	4.29	6.02	3.36	6.85	2.42	8.27	7.22
Aquificae	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
Armatimonadetes	0.51	0.54	0.72	0.70	0.96	0.64	0.69	0.57	0.59	0.50	0.84	0.78
Bacteroidetes	0.84	1.46	0.67	1.55	1.13	0.75	1.15	2.34	0.84	0.92	1.37	0.75
Chlorobi	0.58	0.37	0.53	0.57	0.21	0.55	0.29	0.41	0.27	0.75	0.22	0.53
Chloroflexi	1.23	0.76	2.17	5.00	2.49	5.36	3.90	1.42	2.60	1.07	2.64	2.21
Elusimicrobia	0.06	0.01	0.04	0.04	0.00	0.03	0.03	0.02	0.02	0.09	0.04	0.02
Fusobacteria	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.00
Gemmatimonadetes	0.89	0.63	2.58	1.11	1.13	1.48	1.66	1.00	1.58	0.97	2.03	1.82
Lentisphaerae	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Nitrospira	0.63	0.73	0.92	1.04	0.77	1.41	0.99	0.39	0.82	0.77	0.76	1.07
Planctomycetes	0.66	1.05	0.97	1.62	2.69	1.54	1.69	0.99	1.33	0.85	1.42	0.94
Proteobacteria	52.08	48.99	41.14	45.05	44.74	37.50	46.10	49.27	48.10	46.90	47.11	39.67
Spirochaetes	0.16	0.26	0.20	0.15	0.13	0.27	0.15	0.15	0.12	0.24	0.18	0.22
Synergistetes	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Verrucomicrobia	0.11	0.11	0.14	0.13	0.11	0.10	0.16	0.08	0.10	0.14	0.14	0.10
BRC1	0.07	0.14	0.07	0.07	0.03	0.08	0.10	0.13	0.09	0.09	0.07	0.17
Cyanobacteria	0.29	0.35	0.13	0.30	0.47	0.14	0.22	0.31	0.14	0.14	0.30	0.13
Firmicutes	4.28	7.72	5.27	4.99	9.25	7.06	4.56	8.27	6.14	3.36	6.84	6.62
OP11	0.01	0.00	0.01	0.03	0.01	0.01	0.02	0.00	0.01	0.00	0.02	0.00
TM7	0.00	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00
WS3	0.55	0.32	0.60	0.66	0.39	0.91	0.60	0.63	0.57	0.69	0.31	0.54
unclassified	10.40	9.01	12.93	12.25	8.92	14.25	11.98	8.97	9.47	11.58	8.79	11.95

Sample abbreviations see Table 1.



**Appendix B** Shifts in community composition at the phylum level after long-term green manuring. a, Proteobacteria; b, Acidobacteria; c, Firmicutes; d, Actinobacteria; e, Chloroflexi; f, Planctomycetes. Horizontal lines represent the maximum, median and minimum values, and the closed squares represent the mean values of the treatments. RRF, rice–rice–winter fallow; RRG, rice–rice–ryegrass; RRP, rice–rice–rape; RRV, rice–rice–milk vetch. \* indicates a significant difference ( $P < 0.05$ ) compared with the RRF treatment.

**Appendix C** Genera that differed significantly in relative abundance (%) after long-term green manuring.

Comparison	Mean (RRX)	Mean (RRF)	$P$ -value	Genus
RRG-RRF	0.015	0.000	0.003	<i>Falsibacillus</i>
	0.000	0.009	0.003	<i>Salinarimonas</i>
	0.187	0.065	0.004	<i>Ktedonobacter</i>
	0.073	0.163	0.008	<i>Nitrospira</i>
	0.513	0.165	0.010	<i>Thermodesulfovibrio</i>
	0.010	0.000	0.012	<i>Desulfuromonas</i>

	0.023	0.003	0.016	<i>Desulfobulbus</i>
	0.164	0.069	0.016	<i>Caldilinea</i>
	0.166	0.107	0.017	<i>Pedomicrobium</i>
	0.028	0.003	0.022	<i>Ilumatobacter</i>
	0.101	0.030	0.023	<i>Pasteuria</i>
	0.013	0.000	0.027	<i>Micromonospora</i>
	0.003	0.018	0.029	<i>Cupriavidus</i>
	0.037	0.023	0.030	<i>Sarcina</i>
	0.013	0.000	0.030	<i>Ottowia</i>
	0.018	0.000	0.031	<i>Oceanibaculum</i>
	0.273	0.138	0.032	<i>Aciditerrimonas</i>
	0.037	0.009	0.032	<i>Lewinella</i>
	0.016	0.029	0.033	<i>Wandonia</i>
	0.182	0.070	0.045	<i>Gemmata</i>
	0.002	0.009	0.047	<i>Pelomonas</i>
	0.019	0.000	0.049	<i>Actinoallomurus</i>
	0.081	0.009	0.050	<i>Chondromyces</i>
RRP-RRF	0.021	0.000	0.002	<i>Ottowia</i>
	0.003	0.029	0.002	<i>Wandonia</i>
	0.000	0.009	0.004	<i>Pelomonas</i>
	0.000	0.009	0.004	<i>Salinarimonas</i>
	0.021	0.002	0.006	<i>Lysinibacillus</i>
	0.013	0.000	0.007	<i>Owenweeksia</i>
	0.153	0.072	0.008	<i>Oryzihumus</i>
	0.052	0.012	0.009	<i>Desulfosporomusa</i>
	0.090	0.030	0.010	<i>Pasteuria</i>
	0.166	0.084	0.010	<i>Defluviicoccus</i>
	0.087	0.163	0.013	<i>Nitrospira</i>
	0.029	0.000	0.019	<i>Actinoallomurus</i>
	0.002	0.033	0.030	<i>Turcibacter</i>
	0.735	0.380	0.031	<i>Conexibacter</i>
	0.232	0.170	0.032	<i>Methylocystis</i>
	0.042	0.023	0.037	<i>Sarcina</i>
	0.051	0.008	0.042	<i>Terrabacter</i>
	0.000	0.022	0.044	<i>Luteimonas</i>
	0.182	0.087	0.048	<i>Thermosporothrix</i>
RRV-RRF	0.008	0.000	0.000	<i>Actinomycetospora</i>
	0.000	0.009	0.004	<i>Salinarimonas</i>

0.010	0.000	0.009	<i>Falsibacillus</i>
0.007	0.029	0.011	<i>Wandonia</i>
0.034	0.012	0.011	<i>Desulfosporomusa</i>
0.015	0.000	0.014	<i>Streptophyta</i>
0.013	0.000	0.016	<i>Catenulispora</i>
0.007	0.027	0.020	<i>Methylobacter</i>
0.010	0.039	0.024	<i>Methylococcus</i>
0.205	0.107	0.033	<i>Pedomicrobium</i>
0.100	0.163	0.038	<i>Nitrospira</i>
0.013	0.000	0.043	<i>Syntrophobotulus</i>
0.042	0.086	0.045	<i>Holophaga</i>
0.008	0.002	0.048	<i>Sulfuricella</i>

RRF, rice–rice–winter fallow (control); RRG, rice–rice–ryegrass; RRP, rice–rice–rape; RRV, rice–rice–milk vetch.

RRX: RRG, RRP or RRV.

**Appendix D** Relative abundance (%) of functional genera in paddy soils.

Function	Genus	RRF1	RRF2	RRF3	RRG1	RRG2	RRG3	RRP1	RRP2	RRP3	RRV1	RRV2	RRV3
Methane oxidation	<i>Methylocapsa</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Methylocystis</i>	0.13	0.19	0.18	0.26	0.37	0.19	0.22	0.23	0.24	0.09	0.26	0.17
	<i>Methylosinus</i>	0.03	0.00	0.01	0.04	0.01	0.01	0.01	0.02	0.01	0.01	0.05	0.00
	<i>Methylobacter</i>	0.03	0.02	0.03	0.00	0.03	0.01	0.05	0.03	0.05	0.01	0.01	0.00
	<i>Methylocaldum</i>	0.01	0.01	0.02	0.02	0.02	0.01	0.03	0.01	0.01	0.01	0.02	0.03
	<i>Methylococcus</i>	0.04	0.05	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.06	0.05	0.01	0.01	0.01
	<i>Methylomonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01
	<i>Methylosarcina</i>	0.01	0.02	0.05	0.00	0.02	0.05	0.03	0.01	0.04	0.00	0.02	0.00
	<i>Methylosoma</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
	<i>Methylovulum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Nitrogen fixation	<i>Bradyrhizobium</i>	0.16	0.11	0.42	0.43	0.40	0.29	0.32	0.18	0.28	0.06	0.46	0.26
	<i>Mesorhizobium</i>	0.02	0.03	0.02	0.04	0.04	0.01	0.02	0.02	0.04	0.01	0.06	0.03
	<i>Rhizobium</i>	0.01	0.02	0.02	0.02	0.04	0.02	0.00	0.01	0.04	0.01	0.09	0.00
	<i>Sinorhizobium</i>	0.01	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00
Nitrification	<i>Nitrospira</i>	0.52	0.51	0.71	0.42	0.36	0.85	0.33	0.28	0.48	0.38	0.51	0.89
	<i>Nitrobacter</i>	0.00	0.00	0.02	0.02	0.05	0.04	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01	0.04
	<i>Nitrosomonas</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Nitrospira</i>	0.13	0.18	0.17	0.09	0.06	0.07	0.10	0.07	0.09	0.13	0.08	0.09
	<i>Nitrosococcus</i>	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Denitrification	<i>Denitratisoma</i>	0.05	0.07	0.02	0.10	0.08	0.02	0.06	0.13	0.05	0.04	0.03	0.02

Sulfate reduction	<i>Thermodesulfovibrio</i>	0.11	0.19	0.19	0.60	0.38	0.55	0.65	0.11	0.33	0.34	0.20	0.17
	<i>Desulfarculus</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Desulfatirhabdium</i>	0.07	0.07	0.19	0.20	0.01	0.20	0.15	0.05	0.12	0.04	0.09	0.02
	<i>Desulfobacterium</i>	0.06	0.02	0.02	0.04	0.00	0.01	0.03	0.01	0.01	0.01	0.03	0.02
	<i>Desulfonema</i>	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Desulfosalsimonas</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Desulfobulbus</i>	0.00	0.01	0.00	0.02	0.03	0.02	0.03	0.05	0.01	0.01	0.00	0.02
	<i>Desulfocapsa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.02	0.00	0.03	0.04
	<i>Desulfopila</i>	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01
	<i>Desulfovibrio</i>	0.06	0.02	0.04	0.01	0.06	0.03	0.01	0.03	0.04	0.03	0.02	0.03
	<i>Desulfobacca</i>	0.07	0.05	0.18	0.12	0.11	0.11	0.17	0.12	0.06	0.03	0.09	0.10
	<i>Desulfomonile</i>	0.06	0.19	0.06	0.12	0.11	0.13	0.10	0.08	0.08	0.04	0.06	0.05
	<i>Desulfacinum</i>	0.08	0.04	0.10	0.13	0.14	0.10	0.11	0.01	0.15	0.01	0.26	0.12
	<i>Desulfoglaeba</i>	0.10	0.10	0.25	0.08	0.15	0.09	0.14	0.09	0.11	0.09	0.15	0.14
	<i>Desulforhabdus</i>	0.06	0.01	0.04	0.07	0.02	0.03	0.12	0.03	0.03	0.01	0.03	0.01
	<i>Desulfosoma</i>	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01
	<i>Desulfovirga</i>	0.02	0.00	0.02	0.01	0.01	0.00	0.04	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00
	<i>Desulfitobacterium</i>	0.00	0.04	0.03	0.02	0.03	0.02	0.00	0.09	0.01	0.02	0.01	0.03
	<i>Desulfonispora</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Desulfosporosinus</i>	0.01	0.09	0.00	0.01	0.06	0.03	0.01	0.06	0.02	0.02	0.04	0.00
<i>Desulfosporomusa</i>	0.01	0.02	0.01	0.00	0.04	0.01	0.04	0.07	0.05	0.04	0.03	0.04	
Sulfur oxidation	<i>Sulfuricella</i>	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.02	0.03	0.01	0.01	0.01
	<i>Sulfuritalea</i>	0.08	0.02	0.00	0.04	0.03	0.07	0.00	0.04	0.00	0.09	0.04	0.02
	<i>Thiobacter</i>	0.14	0.09	0.04	0.04	0.03	0.03	0.03	0.03	0.07	0.06	0.02	0.04
	<i>Thiobacillus</i>	0.38	0.25	0.15	0.21	0.08	0.10	0.30	0.33	0.20	0.17	0.11	0.11
	<i>Thiocystis</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Thiodictyon</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Thiohalocapsa</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Thiorhodococcus</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	<i>Ectothiorhodosinus</i>	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00
<i>Thiohalobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00	

Sample abbreviations see Table 1.

#### Appendix E Coverage rate of the primer pair used in this study.

Mismatch allowed	Coverage rate (%)		
	0	1	2

Bacteria	81.4	98.5	99.6
Actinobacteria	59.0	98.2	99.7
Aquificae	41.8	96.5	99.5
Bacteroidetes	93.2	99.0	99.6
Caldiserica	0.5	91.8	99.1
Chlamydiae	0.2	96.5	99.3
Chlorobi	60.8	98.1	99.2
Chloroflexi	18.4	95.2	99.1
Chrysiogenetes	83.3	91.7	100.0
Deferribacteres	94.5	99.0	99.5
Deinococcus-Thermus	92.5	99.3	99.8
Dictyoglomi	0.0	100.0	100.0
Elusimicrobia	57.2	99.5	100.0
Fibrobacteres	94.1	98.8	99.7
Fusobacteria	94.4	99.1	99.8
Gemmatimonadetes	91.2	98.1	99.3
Lentisphaerae	80.0	99.1	99.7
Nitrospira	59.0	97.4	99.7
Planctomycetes	41.0	95.9	99.5
Proteobacteria	89.5	99.1	99.7
Spirochaetes	12.6	97.1	99.3
Synergistetes	77.7	99.1	99.8
Tenericutes	53.5	98.7	99.9
Thermodesulfobacteria	91.6	98.1	99.1
Thermotogae	43.5	98.3	99.3
BRC1	85.8	98.8	99.5
OD1	0.0	61.9	96.1
OP11	25.7	47.6	88.6
SR1	0.0	0.0	1.0
TM7	0.0	94.2	99.6
WS3	73.9	98.5	99.6
Armatimonadetes	78.0	98.6	99.5
Verrucomicrobia	20.2	95.4	99.0
Acidobacteria	90.5	99.3	99.8
Firmicutes	90.0	99.0	99.8

Cyanobacteria/Chloroplast	76.7	98.8	99.6
unclassified_Bacteria	50.8	92.7	97.5
Archaea	0.1	92.1	98.5
Crenarchaeota	0.1	95.9	99.2
Euryarchaeota	0.2	92.0	99.0
Korarchaeota	0.0	86.0	98.9
Nanoarchaeota	0.0	0.0	0.7
Thaumarchaeota	0.0*	86.3*	90.7*
unclassified_Archaea	0.0	88.9	99.1

---

Parameters in searching against the RDP database (Release 11.2): Strain = both, Source = both, Size =  $\geq 1200$ , Quality = Good.

\*, Data were from SILVA Testprome (<http://www.arb-silva.de/search/testprime/>) against the SILVA SSU r117 database.