

Table S1: Functional bacteria for nitrogen removal at different treatments in the fore and rear end of HSSFCWs

Functions	Genus	Relative abundance (%)							
		F_CW_CA	F_CW_A	F_CW_CK	F_CW_C	R_CW_CA	R_CW_A	R_CW_CK	R_CW_C
Ammonia oxidizing	Sphingomonas	2.663	2.294	1.832	1.138	1.892	2.059	2.316	1.757
	Arthrobacter	1.380	1.543	0.329	0.163	1.617	0.621	0.678	0.098
	Nitrospira	0.379	0.624	0.486	0.375	0.334	0.459	0.664	0.699
	Prostheco bacter	0.025	0.039	0.009	0.008	0.034	0.047	0.002	0.035
Nitrite oxidizing	Nitrospira	1.192	1.214	1.255	1.076	1.412	1.727	0.839	1.420
	Candidatus_Nitroto ga	0.015	0.001	0.003	0.000	0.012	0.009	0.002	0.000
	Nitro bacter	0.002	0.004	0.006	0.000	0.006	0.043	0.080	0.025
Anaerobic ammonium oxidizing	Planctomyces	0.013	0.010	0.000	0.001	0.006	0.005	0.003	0.008
	Pirellula	0.006	0.005	0.008	0.005	0.004	0.011	0.005	0.006
Denitrification	Acinetobacter	3.080	0.478	0.899	30.073	14.212	0.536	1.913	1.075
	Dechloromonas	0.052	0.037	0.043	0.051	0.026	0.040	0.062	0.056
	Hyphomicrobium	0.942	1.235	0.763	0.812	0.406	0.860	0.653	0.637
	Bacillus	0.229	0.073	0.020	0.023	0.228	0.060	0.032	0.017
	Gaiella	1.010	1.002	0.937	0.706	0.960	1.021	1.079	1.052
	Pseudomonas	1.339	0.597	0.469	0.679	3.093	0.715	1.148	1.095
	Rhizobium	0.734	0.716	1.020	0.657	0.904	0.926	1.270	1.090
	Mesorhizobium	0.537	0.817	0.643	0.658	0.520	0.666	0.754	0.692
	Pseudoxanthomonas	0.308	0.014	0.019	0.005	0.881	0.031	0.041	0.056
	Hydrogenophaga	0.337	0.173	0.231	0.349	0.579	0.173	0.257	0.468
	Novosphingobium	0.283	0.215	0.290	0.204	0.362	0.406	0.544	0.217
	Lysobacter	0.409	0.321	0.224	0.123	0.486	0.153	0.138	0.124
	Chryseobacterium	0.117	0.189	0.024	0.018	0.439	0.031	0.034	0.020
	Flavobacterium	0.246	0.058	0.054	0.037	0.353	0.241	0.106	0.027
	Haliangium	0.106	0.113	0.119	0.099	0.146	0.092	0.102	0.201
	Terrimonas	0.211	0.341	0.216	0.261	0.100	0.148	0.160	0.267
	Devosia	0.135	0.225	0.345	0.143	0.169	0.146	0.372	0.190
	Thiobacillus	0.231	0.183	0.125	0.053	0.241	0.020	0.054	0.051
	Arenimonas	0.234	0.154	0.164	0.207	0.098	0.127	0.175	0.327
	Massilia	0.103	0.144	0.024	0.042	0.326	0.110	0.051	0.048
	Thermomonas	0.155	0.160	0.063	0.019	0.112	0.099	0.167	0.107
	Thauera	0.095	0.108	0.085	0.019	0.118	0.034	0.015	0.015
	Acidovorax	0.147	0.079	0.143	0.045	0.126	0.015	0.014	0.020
	Brevundimonas	0.053	0.136	0.062	0.043	0.103	0.074	0.037	0.026
	Aeromonas	0.136	0.010	0.001	0.066	0.126	0.034	0.010	0.016
	Sphingobium	0.076	0.092	0.148	0.026	0.029	0.094	0.082	0.069
	Defluviimonas	0.041	0.058	0.014	0.066	0.024	0.034	0.017	0.040
	Roseomonas	0.093	0.033	0.063	0.039	0.103	0.078	0.083	0.083
	Bdellovibrio	0.083	0.069	0.029	0.030	0.098	0.073	0.055	0.061
	Paracoccus	0.028	0.013	0.003	0.005	0.035	0.017	0.011	0.008
	Luteimonas	0.019	0.009	0.000	0.000	0.033	0.008	0.005	0.014
	Pedobacter	0.016	0.008	0.007	0.003	0.029	0.024	0.009	0.012

Shinella	0.002	0.002	0.000	0.000	0.112	0.115	0.059	0.077
Dokdonella	0.005	0.009	0.094	0.000	0.002	0.003	0.011	0.004
Zoogloea	0.007	0.002	0.002	0.002	0.001	0.004	0.000	0.004
Simplicispira	0.005	0.016	0.000	0.001	0.002	0.002	0.030	0.000
Rhodopseudomonas	0.002	0.002	0.001	0.000	0.007	0.001	0.012	0.006
Janthinobacterium	0.000	0.000	0.000	0.000	0.138	0.012	0.019	0.014
Acidovorax	0.000	0.000	0.000	0.000	0.126	0.015	0.014	0.020
Opitutus	0.000	0.000	0.000	0.000	0.054	0.029	0.009	0.033
Arcobacter	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.005	0.000	0.001

¹F_CW_CK, F_CW_A, F_CW_C, F_CW_CA represented control, aeration, carbon addition, combination of aeration and carbon source in the fore end of the HSSFCWs, R_CW_CK, R_CW_A, R_CW_C, R_CW_CA represented control, aeration, carbon addition, combination of aeration and carbon source in the rear end of the HSSFCWs.