

# Notes Académiques de l'Académie d'agriculture de France

## Academic Notes of the French Academy of agriculture

### Authors

C. Zongo, M. Villegente, L. Le Pessot, C. Job, J.-M. Strub, A. Van Dorsselaer, C. Schaeffer-Reiss, F. Bernier, A. Berna, M. Belghazi, M.-A. Jacques, H. Amir, V. Burtet-Sarramégna, J. Rabier, B. Fogliani, D. Job

### Title of the work

Analyse protéomique des graines de *Psychotria gabriellae* (Baill.) Guillaumin, plante endémique de la Nouvelle-Calédonie, en relation avec la tolérance au nickel. Matériel supplémentaire

Year 2023, Volume 15, Number 2, pp. 1-7

### Published online:

30 October 2016,

<https://www.academie-agriculture.fr/publications/notes-academiques/n3af-note-de-recherche-materiel-supplementaire-de-la-note-2016-27-1>

[Analyse protéomique des graines de \*Psychotria gabriellae\* \(Baill.\) Guillaumin, plante endémique de la Nouvelle-Calédonie, en relation avec la tolérance au nickel](#) © 2016 by C. Zongo, M. Villegente,

L. Le Pessot, C. Job, J.-M. Strub, A. Van Dorsselaer, C. Schaeffer-Reiss, F. Bernier, A. Berna, M. Belghazi, M.-A. Jacques, H. Amir, V. Burtet-Sarramégna, J. Rabier, B. Fogliani, D. Job is licensed

under [CC BY 4.0](#) 

Matériel supplémentaire

## Analyse protéomique des graines de *Psychotria gabriellae* (Baill.) Guillaumin, plante endémique de la Nouvelle-Calédonie, en relation avec la tolérance au nickel

C. Zongo<sup>1,§,‡</sup>, M. Villegente<sup>1,§</sup>, L. Le Pessot<sup>2</sup>, C. Job<sup>2</sup>, J.-M. Strub<sup>3,4</sup>, A. Van Dorsselaer<sup>3,4</sup>, C. Schaeffer-Reiss<sup>3,4</sup>, F. Bernier<sup>5</sup>, A. Berna<sup>5</sup>, M. Belghazi<sup>6</sup>, M.-A. Jacques<sup>7</sup>, H. Amir<sup>1</sup>, V. Burtet-Sarramégn<sup>1,\*</sup>, J. Rabier<sup>8</sup>, B. Fogliani<sup>1,9,\*</sup>, D. Job<sup>2,\*</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Insulaire du Vivant et de l'Environnement (LIVE – EA 4243), Université de la Nouvelle-Calédonie, Nouvelle-Calédonie

<sup>2</sup> Laboratoire mixte CNRS / Université Claude Bernard Lyon 1 / INSA / Bayer CropScience (UMR CNRS 5240), Lyon, France

<sup>3</sup> Université de Strasbourg, Institut Pluridisciplinaire Hubert Curien (IPHC – UMR CNRS 7178), Strasbourg, France

<sup>4</sup> ProFI: Proteomic French Infrastructure, Strasbourg site (<http://www.profi-proteomics.fr/>)

<sup>5</sup> Institut de Biologie Moléculaire des Plantes (UPR CNRS 2357), Strasbourg, France

<sup>6</sup> Centre d'Analyse Protéomique de Marseille (CAPM), Faculté de Médecine, Marseille, France

<sup>7</sup> Institut de Recherche en Horticulture et Semences (UMR 1345 IRHS), INRA, AGROCAMPUS-Ouest, Université d'Angers, SFR 4207 QUASAV Beaucouzé, France

<sup>8</sup> Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie marine et continentale (IMBE, UMR Université Aix Marseille / CNRS 7263 / IRD 237 / Avignon Université), Marseille, France

<sup>9</sup> Institut Agronomique néo-Calédonien (IAC), « Diversités biologique et fonctionnelle des écosystèmes terrestres », Païta, Nouvelle-Calédonie.

§ Contributions égales

‡ Cet article est dédié à la mémoire de Charly Zongo

\* Correspondance : [job.dominique@gmail.com](mailto:job.dominique@gmail.com) ; [vandors@unistra.fr](mailto:vandors@unistra.fr) ; [valerie.sarramegna@univ-nc.nc](mailto:valerie.sarramegna@univ-nc.nc) ; [fogliani@iac.nc](mailto:fogliani@iac.nc)

Matériel supplémentaire

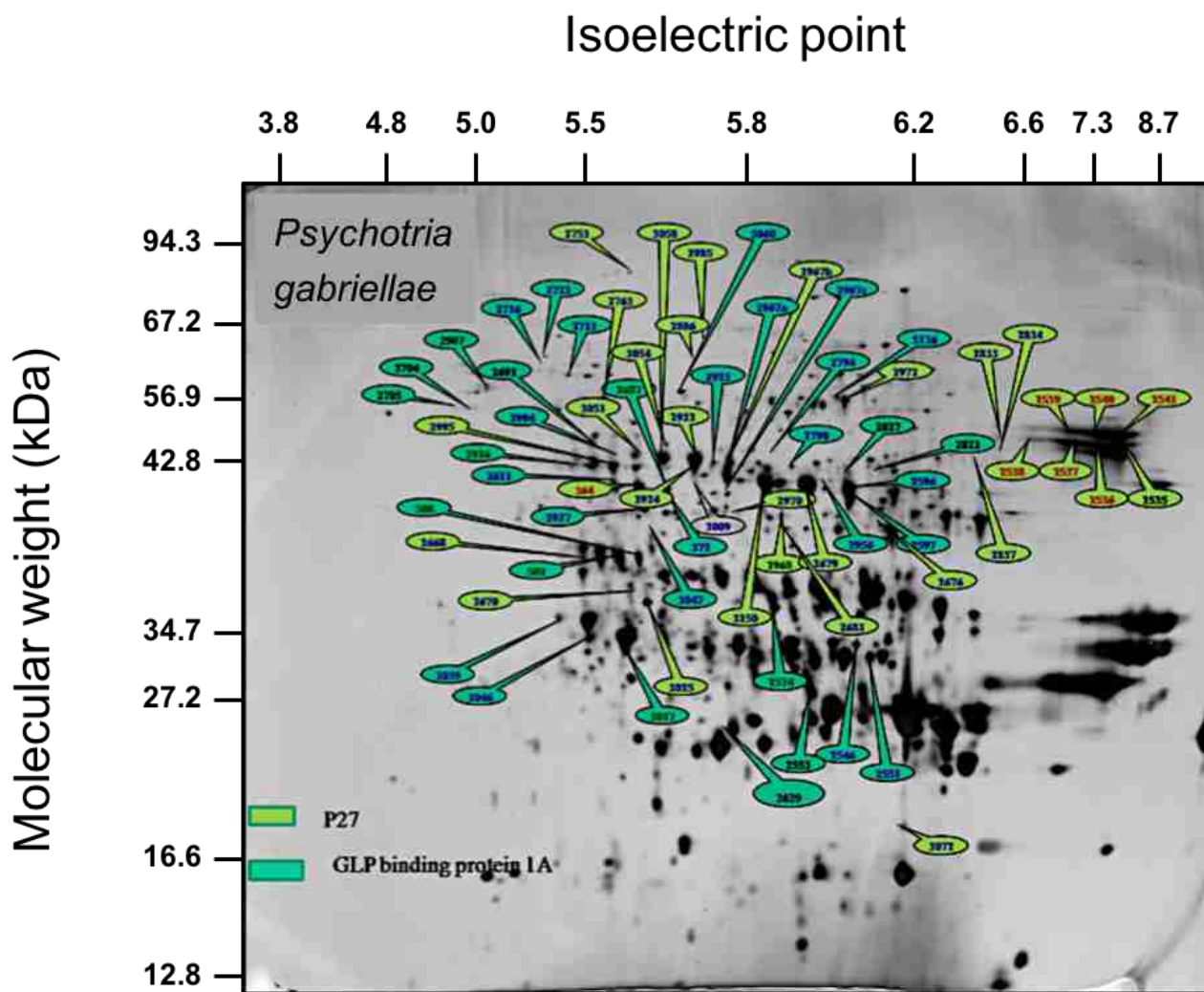


Figure S1. Gel 2D montrant les protéines albumines de *Psychotria gabriellae* identifiées comme appartenant à la classe fonctionnelle des protéines du métabolisme du phosphate. Le protéome contient deux protéines de cette classe : la protéine p27SJ de millepertuis (*Hypericum perforatum*) (représentée en vert-jaune) et la protéine GLP-binding protein 1a d'*Arabidopsis thaliana* (représentée en bleu). Cf. Tableau supplémentaire S1. Les graines ont été récoltées au Mont Koghi en 2006, 2009 et 2010 ; cf. Figure 1).

Matériel supplémentaire

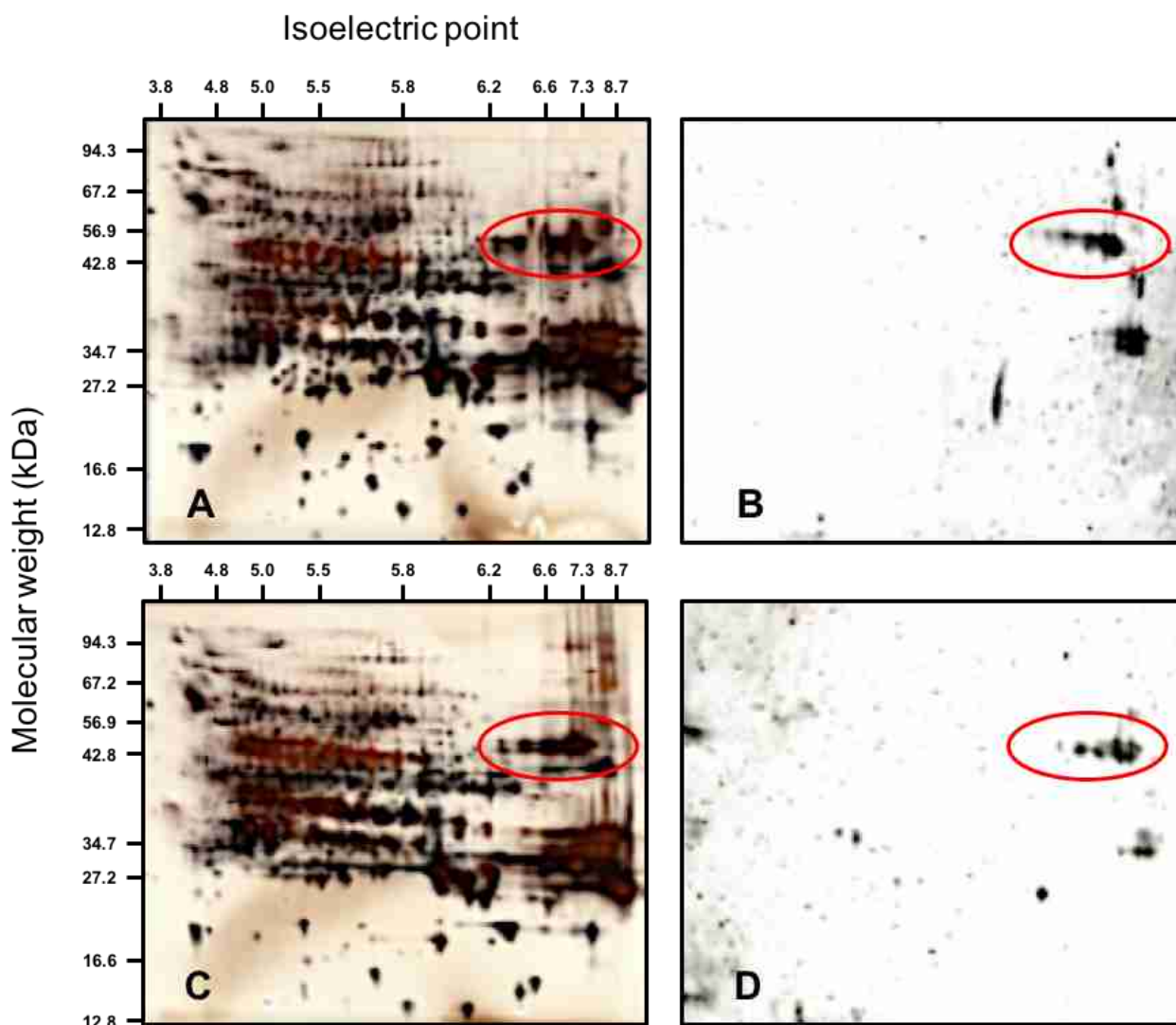


Figure S2. Gels d'électrophorèse bidimensionnelle des fractions albumines de différentes populations de graines matures de *Psychotria gabriellae*. A : graines récoltées à Poya (coloration des protéines à l'argent) ; C : graines récoltées au Mont Koghi (coloration des protéines à l'argent). B et D : western blots correspondant aux gels 2D présentés en A et C, respectivement, révélés avec l'anticorps anti-DING de tabac (Perera et al. 2008). La localisation des populations de *P. gabriellae* sur la Grande-Terre est indiquée en Figure 1. Les ovales rouges montrent les protéines DING de *P. gabriellae* de 40 kDa environ dont la caractérisation des peptides par spectrométrie de masse est présentée en Figure 6. Les données de masses peptidiques sont accessibles auprès de la plate-forme de protéomique de Strasbourg Grand Est ([jmstrub@unistra.fr](mailto:jmstrub@unistra.fr)).

## **Matériel supplémentaire**

### **Tableau supplémentaire S1. Protéome de la graine de *Psychotria gabriellae*.**

Voir le fichier attaché *N3AF Nickel Tableau supplémentaire S1*

## Matériel supplémentaire

**Tableau supplémentaire S2 : Séquences obtenues par amplification PCR de l'ARN ribosomique 16S de bactéries endophytes isolées de graines mures sèches de *Psychotria gabriellae* (graines récoltées au Mont Koghi en 2010 et 2011 ; cf. Figure 1) et résultats des analyses d'homologies de séquences (Blast) ayant permis leur identification.**

>110822-33\_A03\_II-518F.ab1 1310

GTAATAACGATCGGATTATTGGGCGTAAGC  
GCGCGTAGGCGGTTTTTAAGTCTGATGTG  
AAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCA  
TTGGAAACTGGAAACTTTGAGTGCAGAAGA  
GGAAAGTGGAAATTCATGTGTAGCGGTGAA  
ATGCGCAGAGATATGGAGGAACACCAAGTGG  
CGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTACG  
CTGATGTGCGAAAGCGTGGGGATCAAACAG  
GATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA  
CGATGAGTGCTAAGTGTTAGGGGGTTTTCCG  
CCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGC  
ACTCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGT  
TGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGC  
ACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCA  
AGCAACGCGAAGAACCTTACCAAATCTTGA  
CATCCTTTGACCGCTCTAGAGATAGAGTTTT  
CCCCTTCGGGGGACAAAGTGACAGGTGGT  
GCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGA  
TGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAAC  
CCTTAAGCTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGG  
CACTCTAAGTTGACTGCCGGTGACAAACCG  
GAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCA  
TGCCCCTTATGATTTGGGCTACACACGTGCT  
ACAATGGACAATAAAGGGCAGCTAAACC  
GCGAGGTCAAGCAAATCCATAAAGTTGTT  
CTCAGTTCGGATTGTAGTCTGCAACTCGAC  
TACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGTAG  
ATCAGCATGCTACGGTGAATACGTTCCCGG  
GTCTTGACACACCGCCCGTCACACCACGA  
GAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGAGTA  
ACCATTATGGAGCTAGCCGTGGAAGTGGG  
ACAATGATTGGGTGAGCGCGAGGGGCCCC  
CCCCCAATCCTGTTTCCGGGGTTTTTTCC  
CCCCGCGCGGAGAAATAGGCCCGGTTTAT  
TATGTTTCTTCTCTCGCGAGACGAGTATTTT

GTCAAAAAAATTTCCACCCCCCTCGTTT  
TTACCCTGCGGTTTTATCCCCGCTCGAGAA  
AAACACCTCTGGTTCGCTGCCACAGAGAA  
AGAGATAGGGGCGGATCTTCTCGCGTGG  
ATGACACACTCTCCCGCCTGGGGCCGGAT  
CCGTTGCGTTGGGGGTAAGAAGCTCATGT  
CATCTTAATCATTAGCGCGACTAGCGCAGC  
TACTATATTTGATGAAGCGAGACGTGCGGT  
GCTGCTCCCGT  
TCCCTCTGCA

Nucleotide Blast

Staphylococcus pasteurii strain CrK14 16S  
ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|GQ503327.1](#)|Length:

1472Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities	Gap
1711 bits(926)	0.0	936/940(99%)	3/9

>110822-33\_C03\_II-800R.ab1 1201

GTGGACTTTCGCATCAGCGTCAGTTACAG  
ACCAGAAAGTCGCCTTCGCCACTGGTGT  
CCTCATATCTCTGCGCATTTCACCGCTACA  
CATGGAATTCACCTTTCTCTTCTGCACTC  
AAGTTTTCCAGTTTCCAATGACCCTCCACG  
GTTGAGCCGTGGGCTTTCACATCAGACTTA  
AAAAACCGCCTACGCGCGCTTACGCCCA  
ATAATTCCGGATAACGCTTGCCACCTACGT  
ATTACCGCGGCTGCTGGCAGGTAGTTAGC  
CGTGGCTTTCTGATCAGGTACCGTCAAGA  
CGTGCACAGTTACTTACACGTTTGTCTTC  
CCTGATAACAGAGTTTTACGATCCGAAGAC  
CTTCATCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTC  
AGGCTTTCGCCATTGCGGAAGATTCCCTA  
CTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGT  
GTCTCAGTTCAGTGTGGCCGATCACCCCT  
CTCAGGTCCGCTACGTATCGTTGCCTTGGT  
AAGCCGTTACCTTACCAACTAGCTAATACG  
GCGCGGATCCATCTATAAGTGACAGCAAG  
GCCGTCTTTCACCTATTGAACCATGCGGTT  
AAAATCTTATCCGGTATTAGCTCCGGTTTCC  
CGAAGTTATCCAGTCTTATAGGTAGGTTAT  
CCACGTGTTACTCACCCGTCCGCGGCTAA  
CGTCAAAGGAGCAAGCTCCTTATCTGTTCC  
CTCGACTTGCATGTATTAGGCACGCCGCC

### Matériel supplémentaire

AGCGTTCATCCTGAGCAATAAAAAAACTAT  
ATAAAAGAGCTGGAATCGGAGTATTCAAAGA  
GCAGCATGGGAATCTCAATATTTTTGCTGGT  
GTTGTAACCTTTCCGTCTCACCATGGGGAG  
TATCTAGACCAGGAGGGGGATCATAACAGTT  
ATGGAGAAACCCGCCAACGTGGGGCTATGA  
TGGGTTAATTACAGGAAACCACTGCGCACC  
TCATACTATCGGGGGCGGTTGTAGATAGTTA  
GAAGAGGATTTTCTCCCTCCCGTTCGCGACA  
TGACTGCACGGGTAGTATGGTGTGCTCTCC  
TGATAAGAAGTTGTAGGATCCAACACTTACA  
CCTCACTGGAGTGCCGTACGATTGGCTGGG  
AGAAATTCGGTGCGCGCTCAGGAGAAGTAG  
GACGTTAACTACGCGTGCATTGCTAGCTC  
AGTCTCGATGAACCGTACTACCGATAACCG  
GAT

#### Nucleotide Blast

Staphylococcus pasteurii strain IHB B 7069 16S  
ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KJ767309.1](http://gb|KJ767309.1)|Length:

1524Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities
1384 bits(749)	0.0	762/768(99%)

#### >110822-33\_E03\_III-518F.ab1 1301

GGGAGTGACGTTTCGGATTATTGGGCGTAAG  
CGCGCGTAGGCGGTTTTTAAAGTCTGATGT  
GAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTC  
ATTGGAAACTGGAAAACCTGAGTGCAGAAG  
AGGAAAGTGAATTCATGTGTAGCGGTGA  
AATGCGCAGAGATATGGAGGAACACCAAGT  
GCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTAC  
GCTGATGTGCGAAAGCGTGGGGATCAAACA  
GGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA  
AACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGGGTTTC  
CGCCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAA  
GCACTCCGCTGGGGAGTACGACCGCAAG  
GTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCC  
GCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTC  
GAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAAATCTT  
GACATCCTTTGACCGCTCTAGAGATAGAGT  
CTTCCCCTTCGGGGGACAAAGTGACAGGT  
GGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCTG

AGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCG  
CAACCCTTAAGCTTAGTTGCCATCATTAAAGT  
TGGGCACTCTAAGTTGACTGCCGGTGACA  
AACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAA  
TCATCATGCCCTTATGATTTGGGCTACAC  
ACGTGCTACAATGGACAATACAAAGGGCA  
GCTAAACCGCGAGGTCAAGCAAATCCCAT  
AAAGTTGTTCTCAGTTCGGATTGTAGTCTG  
CAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTA  
GTAATCGTAGATCAGCATGCTACGGTGAAT  
ACGTTCCCGGGTCTTGTACACACCCGCCG  
TCACACCACGAGAGTTTGTAAACACCCGAA  
GCCGGTGGAGTAACCATTTATGGAGCTAG  
CCGTCGAAGTGGGACAATGATGGGGTGAG  
CTCGAGGGGGGGCCCCCCCCCAAGTGT  
TTCGGGGTTTTTTCTACTCCGCCGGAAGA  
AATGGGCGAGGTTCTATTCTATTTTTTTCT  
TCTCGTGTGAAAGAAGTTGTTGAAAAAAA  
AACTCTCTCACCCCGGGGTTGTTCTC  
TGGGGTCTCCTCCAATGATGAAAATATATT  
CTGGGCGCTCGCAACGCAAAGAGAGACG  
GATGGATTTACATTGGGGGTGACGCACAC  
CTCTGTGGTGGGGCGCGATCAGTTGTTCT  
TGGGGGGCGAACCGCGTGCATCACTACAAC  
GAGGCGAGCGGAGCCGCATCTATTAGTAG  
ATGACCAGAGCGAAGCATCGGCTACTTGA  
C

#### Nucleotide Blast

Staphylococcus pasteurii strain CrK14 16S  
ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|GQ503327.1](http://gb|GQ503327.1)|Length:

1472Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities	Gap
1716 bits(929)	0.0	937/940(99%)	3/94

#### >110822-33\_G03\_III-800R.ab1 1173

TGGAATCTTTCGCATCAGCGTCAGTTACAG  
ACCAGAAAGTCGCTTTCGCCACTGGTGT  
CCTCCATATCTCTGCGCATTTCACCGCTAC  
ACATGGAATTCCACTTTCCTCTTCTGCACT  
CAAGTTTTCCAGTTTCCAATGACCCTCCAC  
GGTTGAGCCGTGGGCTTTCACATCAGACT

Matériel supplémentaire

TAAAAAACCGCCTACGCGCGCTTTACGCC  
 AATAATCCGGATAACGCTTGCCACCTACGT  
 ATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCC  
 GTGGCTTTCTGATCAGGTACCGTCAAGATG  
 TGCACAGTTACTTACACATTTGTTCTTCCCT  
 GATAACAGAGTTTTACGATCCGAAGACCTTC  
 ATCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGGCT  
 TTCGCCATTGCGGAAGATTCCCTACTGCT  
 GCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCA  
 GTTCCAGTGTGGCCGATCACCCCTCTCAGGT  
 CGGCTACGTATCGTTGCCTTGGTAAGCCGT  
 TACCTTACCAACTAGCTAATACGGCGCGGAT  
 CCATCTATAAGTGACAGCAAAGCCGCCTTTC  
 ACTATTGAACCATGCGGTTCAATATGTTATCC  
 GGTATTAGCTCCGTTTTCCCGAAGTTATCCC  
 AGTCTTATAGGTAGGTTATCCACGTGTTACT  
 CACCCGTCCGCCGCTAACGTCAAAGGAGC  
 AAGCTCCTTATCTGTTGCTCGACTTGCATG  
 TATTAGGCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGA  
 GCAGTCAGACCTCTCTAACGCTGGTTAA  
 GGGGGATGCACTAGGTAACGGAGGGAAT  
 CCCCCCTTTATGTTTGGCTCCAGTATCTCAC  
 GCCTCCCAGGGGACGCACAAGCGGAGAGG  
 GTGGACTTTCACAGGACAGAGAAAGCCCTC  
 CAACGGGGGTGTACGTGGTTATTTTATGGAT  
 GAGTAGGCAACCTCCATAATCTGCGCTGCT  
 GGACGGACGTTGAGAGGGACTTCATCATCC  
 AGCCGAGCAAGAGCGCCGGTCATGTACGC  
 TTGTCGTCTCGCTGGATAGAGGAATTGTAA  
 GATCAGACACTACAACCCACTGTATGTCTGC  
 GTCTCAGCTGAAAATTCGTGCGCCAGAAAG  
 TGAGCGTATCATACGCTGAATTGTACGCCTC  
 AGTCTAGCGAGGACGTACTCGACTG

GGGTGAAAGCCTGTGGCTCAACCACAGAA  
 TTGCCTTCGATACTGGTTGGCTTGAGACC  
 GGAAGAGGACAGCGGAACTGCGAGTGTA  
 GAGGTGAAATTCGTAGATATTCGCAAGAAC  
 ACCAGTGGCGAAGGCGGCTGTCTGGTCC  
 GGTTCTGACGCTGAGGCGCGAAAGCGTG  
 GGGAGCAAACAGGATTAGATAACCCTGGTA  
 GTCCACGCCGTAAACGATGAATGCCAGCC  
 GTTGGCCTGCTTGCAGGTCAGTGGCGCC  
 GCTAACGCATTAAGCATTCCGCCTGGGGA  
 GTACGGTCGCAAGATTAACACTCAAAGGAA  
 TTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAG  
 CATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGCAGA  
 ACCTTACCATCCCTTGACATGGCATGTTAC  
 CTCGAGAGATCGGGGATCCTCTTCGGAGG  
 CGTGCACACAGGTGCTGCATGGCTGTCGT  
 CAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAG  
 TCCCGCAACGAGCGCAACCCACGTCCTTA  
 GTTGCCATCATTAGTTGGGCACTCTAGG  
 GAGACTGCCGGTGATAAGCCGCGAGGAA  
 GGTGTGGATGACGTCAAGTCCTCATGGCC  
 CTTACGGGATGGGCTACACACGTGCTACA  
 ATGGCGGTGACAGTGGGACGCGAAACCG  
 CGAGGTTGAGCAAATCCCCAAAAGCCGTC  
 TCAGTTCGGATTGCACTCTGCAACTCGGG  
 TGCATGAAGGCGGAATCGCTAGTAATCGTG  
 GATCAGCACGCCACGGTGAATACGTTCCC  
 GGGCCTTGTACACACCCGCCCGTCACACCA  
 TGGGAGTTGGTCTTACCCGACGGCGCTGC  
 GCCAACC GCAAGGAGGCAGCGACCACGG  
 TAGGGTCAGCGACTGGGGTGAGCGCGAG  
 GGGGGGCGGCGCTCCCCCATGCGCTTTC  
 CGCGGGGGTTTATATTTCTGTGGGGTATAT  
 TTATCTCGCGCAGAAAGAAAAGAAGCTATT  
 ACCCCACGGAGTGCTTTACTATCCCTCGCA  
 GGGAGGGGTGCGCACGTGGGTCCCCCCCA  
 GTGAGAATATTACACTGTCTCGTCCGCTCA  
 GAGGTAGAGGTGGTGCCTGCCCCACAC  
 CGGGGGGGGAGTAGTCTCGCCACCACCA  
 GCTATAGATATGCCCTGAGTAGATCAGCCC  
 ACTCAACACCACTACAATCAGCACGACCG  
 CTGCCTCGTCGTATGATACTCCTACTCACG  
 TACCTACATGAGTGGTACTAGATATACTAGT  
 AAT

Nucleotide Blast

Staphylococcus pasteurii 16S ribosomal RNA  
 gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KF241144.1|](#) Length:

1513 Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities	Gaps
1382 bits(748)	0.0	753/755(99%)	2/755(0%)

>110822-33\_I03\_IV-518F.ab1 1308

TGGGACGTCGAGCTCGGATCACTGGGCGT  
 AAGGGCGCGTAGGCGGCCGATTAAGTCGG

Nucleotide Blast

Methylobacterium populi strain VP2 16S



### Matériel supplémentaire

#### ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KF955558.1](#)|Length:

1409Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities
1712 bits(927)	0.0	935/938(99%)

GTGCGCTCACCGATCGAAGACGCATCCGC  
CTACCAAGCTCCAGGGAAGGGTGAGATTA  
GCCTGAAGAGAAAACAAGATAGGGCTCG  
GTTGACTTTAGTAGACCCTCACCACACTTC  
ACATATAAAGATATGCGTACGCCGTGGTCC  
CTCAGCGGTGCGAGATAATAACACAGTACT  
TCATTACCTTGTATATGAGGTGAGCTAA

#### >110822-33\_K03\_IV-800R.ab1 1321

GAGGTTTTTCGCGCTCAGCGTCAGACCGG  
ACCAGACAGCCGCCTTCGCCACTGGTGTTT  
TTGCGAATATCTACGAATTTACCTCTACACT  
CGCAGTTCCGCTGTCTCTTCCGGTCTCAA  
GCCAACAGTATCGAAGGCAATTCTGTGGT  
TGAGCCACAGGCTTTCACCCCGACTTAAT  
CGGCCGCCTACGCGCCCTTTACGCCCAGT  
GATTCCGAGCAACGCTAGCCCCCTTCGTAT  
TACCGCGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCG  
GGGCTTATTCTTCCGGTACCGTCATTATCGT  
CCCGGACAAAAGAGCTTTACAACCCTAAGG  
CCTTCATCACTCACGCGGCATGGCTGGATC  
AGGCTTGCGCCATTGTCCAATATCCCA  
CTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGT  
GTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTC  
TCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGTA  
GGCCGTTACCCACCAACAAGCTAATCAGA  
CGCGGGCCGATCCTTCGGCAGTAAACCTTT  
CCCATAAGGGCGTATCCGGTATTAGCTCAA  
GTTTCCCTGAGTTATTCCGAACCGAAGGGC  
ACGTTCCACGTGTTACTCACCCGTCTGCC  
ACTGACTTCCGAAGAAGCCCGTTGACTTG  
CATGTGTTAAGCCTGCCGCCAGCGTTCGCT  
CTGAGCCTATTCAAACCCTCTGACTTGGGG  
GCCACATTTCCAGAACCGCCTCGCCTGCAT  
TATAGTCAACTGGTGCTCTACAAGAAATATA  
AATACTGCTGGCGAGAATGGCACCGACTGG  
ACTTCATGGGGTTTGGAGGGGGCCCGCCA  
CCAGCGGAGTATGGGGGGTTAATTACAAG  
ACTTTCACCCAAACCTTTACATCCCTTTGAA  
CGGTTTTTACCCCAAAGAATTGAGAAATCC  
TTCTCTCGTCTTTCTTACTAGGGTGGAGAGT  
GGGGAGTAATCTCTGGGGGTTAGAATTTGT  
GGGAACAATCTCTACCCACGCGAAACAAAA  
GAACCTATTAATACCCAATTGTTTTTTGTGCG  
CTCCCCGAAGAGGACATTGTGCAATGAATC  
CCCCACAAGTAGCTTGAATTAATCACGC

#### Nucleotide Blast

Methylobacterium populi gene for 16S  
ribosomal RNA, partial sequence, strain: z68b

Sequence ID: [dbj|AB698694.1](#)|Length:

1446Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities	Gaps
1267 bits(686)	0.0	691/693(99%)	2/693(0%)

#### >110825-26\_E01\_V-518F.ab1 1332

AAGATCATTTCGAGCTCAGCGTCATTACAGA  
CCAGAGAGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTT  
CTCCATATATCTACGCATTTACCGCTACAC  
ATGGAATTCCACTCTCCTCTTCTGCATTCA  
AGTTCCCCAGTTTCCAATGACCTTCCTCGG  
TTGAGCCGAGGGCTTTCACATCAGACTTAA  
GAAACCGCCTGCGCTCGCTTTACGCCCAA  
TAAATCCGGACAACGCTTGCCACCTACGTA  
TTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCC  
GTGGCTTTCTGGTTAGATACCGTCAAGGTG  
GGAACAGTTACTCTCCCACTTGTCTTCTC  
TAACAACAGAGTTTTACGATCCGAAAACCT  
TCTTCACTCACGCGCGTGTGCTCGGTCAG  
ACTTTCGTCCATTGCCGAAGATTCCCTACT  
GCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGT  
CTCAGTCCCAGTGTGGCCGATCACCCCTCT  
CAGGTCCGGCTATGCATCACGGTCTTGTA  
GGCCATTACCCACCAACTAATAATGCAG  
CGCGGGCCCATCCAACAGTGACACCGAA  
GCGTCTTTTATTATTCTCCCATGCGGGAAA  
ACAAATTATGCGGTATTAGCACCTGTTTCCA  
AGTGTATCCCCCTCTGTTGGGCAGGTTG  
CCCACGTGTTACTCACCCGTCCGCCACTC  
TTTGATTTTCGGTGGAGCAAGCTCCGGTG  
AAAATCAAAGCGTTCGACTTGCATGTATTA  
GGCACGCCGCCAGCGTTCGTCTGAGTG  
ATAAAACCCCCCTCTCTTATGAGTTTAAACG

Matériel supplémentaire

GTAAGAGGGGAATTTTCGGCGCGTCTTCTCC  
 CAATCCCCTGCCCCCTTTTAAAAAAAC  
 CCCCCCGGGGAGAGGGGGTTCACCT  
 AAAAAAAAAAAAAACGTGTGGGGGGCGTG  
 CTCCCCCGTGGAAGAATGAGGATTGTTGT  
 ATTAACCAAATAAAAAAACAGCGGGGGG  
 GGGGATTATCTTGGCCGCTCCACAGAAGA  
 AAAAAATACCCTTGGGGGAAAAAGAATACC  
 CCGGGGGGGTGTGTGTCTGAAAACAGCTG  
 GTGTGAGGAGAAGAGAAGTCCCTCCACC  
 ACCCGGAGCCGTCTGAAAGATTATTTCTCT  
 CGCATAGCAACAATCCGCAACGCGCCGCG  
 GACAAGCGAGAGTAAGAACGATACAGTGA  
 GAGAATAAGCCCCATCCCTCCCTAGGCTT  
 GTCGAACATCGCTCCTACGGGCATGGTGAA  
 TACGCAATAGCACCCGACCGAGAGGGTGA  
 AGCGACACGCGGCGTAACTCCCATCACACT  
 CACATCTACATAACTATGATGAG

Nucleotide Blast

Vagococcus fluvialis strain M19 16S ribosomal  
 RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|JF690756.1](#) | Length:

1534 Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities
1393 bits(754)	0.0	759/761(99%)

>110825-26\_G01\_V-800R.ab1 1292

GCGTGACGTACGATTATTGGGCGTAAGCGC  
 GCGCAGGTGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAA  
 AGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATT  
 GGAAACTGGGAGACTTGAGTGCAGAAGAG  
 GAAAGTGGAATTCCATGTGTAGCGGTGAAA  
 TGCGTAGAGATATGGAGGAACACCAAGTGGC  
 GAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTACAC  
 TGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAG  
 GATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA  
 CGATGAGTGCTAAGTGTTAGAGGGTTTCCG  
 CCCTTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCA  
 CTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCT  
 GAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGC  
 ACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTGCA  
 AGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGA  
 CATCCTCTGAAAACCCTAGAGATAGGGCTT

CTCCTTCGGGAGCAGAGTGACAGGTGGT  
 GCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCGTGAG  
 ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA  
 ACCCTTGATCTTAGTTGCCATCATAAGTTG  
 GGCACCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAA  
 CCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATC  
 ATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACAC  
 GTGCTACAATGGACGGTACAAAGAGCTGC  
 AAGACCGCGAGGTGGAGCTAATCTCATAA  
 AACCGTTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCA  
 ACTCGCCTACATGAAGCTGGAATCGCTAGT  
 AATCGCGGATCAGCATGCGCGGGGTGAAA  
 ATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCC  
 CGTCACACCACGAGAGTTTGTAAACCCCG  
 AAGTCGGTGGGGTAACCTTTTTGGAGCCA  
 GCCGCCTAAGGTGGGACAGATGATGGGGT  
 GATCTCGCGGGCCCCCCTCTCTCCCTT  
 TACTGTATGCCCGCGTTTGTGTTTAGGG  
 TGCTCGCCCGGGGGGGGCATAATAATGA  
 ATAAGTTGTGCTTCTCTCCCCACGAAGT  
 GTGATATATTGAGACGCTATTTCCCTCCACC  
 CACCGGGGCGCGGGTGTACATAAGATCAC  
 ATTTCTGAGATAGGACAAATATCGTCATCTC  
 GTGCGGTAGCAGACAGATTAGTTTCGTGAC  
 TCAAGTGAGAAGTTCATCCACACATCCGTAG  
 CCGAGGCTCGACACTGTGTTTCGTGTCGTA  
 CACTACTCATCTGACAGCGACGAACCATCT  
 TACTACTACAACGGGACTTCA

Nucleotide Blast

Bacillus cereus strain TE10 16S ribosomal  
 RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KJ833788.1](#) | Length:

1002 Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities	Gaps
1705 bits(923)	0.0	954/967(99%)	9/96

## Matériel supplémentaire

**Caractérisation de la flore endophyte des graines de *P. gabriellae* ne reposant pas sur l'isolement de bactéries vivantes.** Les graines de *P. gabriellae* récoltées au Mont Koghi en 2010 et 2011 (cf. Figure 1) ont été macérées pendant 12 h à 4°C sous agitation puis le macérât a été porté à ébullition pendant 10 min. L'amplification de l'ADNr 16S a ensuite été réalisée à l'aide d'amorces universelles puis séquencé comme décrit dans les Matériels et Méthodes.

Séquence de l'amplification de l'ADNr 16S :

```
GCCCTGTAGTGGGGGATAACTAGTCGAAAG
ATTAGCTAATACCGCATACGACCTGAGGGTG
AAAGTGGGGGACCGCAAGGCCTCATGCTAT
AGGAGCGGCCGATGTCTGATTAGCTAGTTG
GTGGGGTAAAGGCCACCAAGGCCACGAT
CAGTAGCTGGTCTGAGAGGACGATCAGCCA
CACTGGGACTGAGACACGGCCCACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATTTTGA
CAATGGGGGCAACCCTGATCCAGCAATGCC
GCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAA
AGCACTTTTGTCCGAAAGAAATCGCACTTA
CTAATATTAGGTGTGGATGACGGTACCGGAA
GAATAAGGACCGGCTAACTACGTGCCAGCA
GCCGCGGTAATACGTAGGGTCCAAGCGTTA
ATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGTGCGCA
GGCGGTTGTGCAAGACCGATGTGAAATCCC
CGGGCTTAACCTGGGAATTGCATTGGTGAC
TGCACGGCTAGAGTGTGTCAGAGGGGGGT
AGAATTCCACGTGTAGCAGTGAAATGCGTA
GAGATGTGGAGGAATACCGATGGCGAAGG
CAGCCCCCTGGGATAAACAACGCTCATG
CACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTA
GATACCCTGG
```

### Blast results

*Ralstonia insidiosa* strain BT 8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence  
Sequence ID: [gb|KJ848549.1|](#)Length: 1431  
Number of Matches: 1

Uncultured *Burkholderiales* bacterium clone PS6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence  
Sequence ID: [gb|JX966195.1|](#)Length: 877  
Number of Matches: 1

Score	Expect	Identities	Gaps
1221 bits(661)	0.0	665/667(99%)	0/667(0)

Score	Expect	Identities
1221 bits(661)		665/667(99%)

### Matériel supplémentaire

**Tableau supplémentaire S3. Séquences génomiques et plasmidiques des bactéries isolées des graines mures sèches de *Psychotria gabriellae*.**

#### ***Staphylococcus pasteurii***

genome sequence:  
[http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC\\_022737.1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_022737.1)

#### ***Methylobacterium populi***

The complete genome sequences of *M. populi* BJ001, which contained one chromosome and two endogenous plasmids, have been deposited in the DDBJ/ENA/GenBank database (accession numbers CP001029 to CP001031);

Pour CP001029 :

[http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/CP001029/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show\\_suppressed=false&limit=10](http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/CP001029/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show_suppressed=false&limit=10)

Pour CP001030 :

[http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/CP001030/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show\\_suppressed=false&limit=10](http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/CP001030/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show_suppressed=false&limit=10)

Pour CP001031 :

[http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/CP001031/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show\\_suppressed=false&limit=10](http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/CP001031/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show_suppressed=false&limit=10)

#### ***Bacillus cereus***

The complete genome sequence of *B. cereus* ATCC 14579 has been deposited in GenBank at accession numbers AE016877 (chromosome) and AE016878 (plasmid):

Pour AE016877 :

[http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/AE016877/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show\\_suppressed=false&limit=10](http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/AE016877/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show_suppressed=false&limit=10)

Pour AE016878 :

[http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/AE016878/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show\\_suppressed=false&limit=10](http://getentry.ddbj.nig.ac.jp/getentry/na/AE016878/?format=flatfile&filetype=html&trace=true&show_suppressed=false&limit=10)

#### ***Vagococcus fluvialis***

*Vagococcus fluvialis* bH819 genome sequence

Accession: PRJEB275 ID: 184267 :

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/184267>

#### ***Ralstonia insidiosa* strain:ATCC 49129**

Taxonomy: *Ralstonia insidiosa*

Project data type: Genome sequencing and assembly

Scope: Other USDA-ARS

Accession: PRJNA324646 - ID: 324646

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/genomes/45089>