

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^{1,§,‡}, M. Villegente^{1,§}, L. Le Pessot², C. Job², J.-M. Strub^{3,4}, A. Van Dorsselaer^{3,4}, C. Schaeffer-Reiss^{3,4}, F. Bernier⁵, A. Berna⁵, M. Belghazi⁶, M.-A. Jacques⁷, H. Amir¹, V. Burtet-Sarramégn^{1,*}, J. Rabier⁸, B. Fogliani^{1,9,*}, D. Job^{2,*}

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

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

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

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

⁵ Institut de Biologie Moléculaire des Plantes (UPR CNRS 2357), Strasbourg, France

⁶ Centre d'Analyse Protéomique de Marseille (CAPM), Faculté de Médecine, Marseille, France

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

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

⁹ 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 ; vandors@unistra.fr ; valerie.sarramegna@univ-nc.nc ; fogliani@iac.nc

Matériel supplémentaire

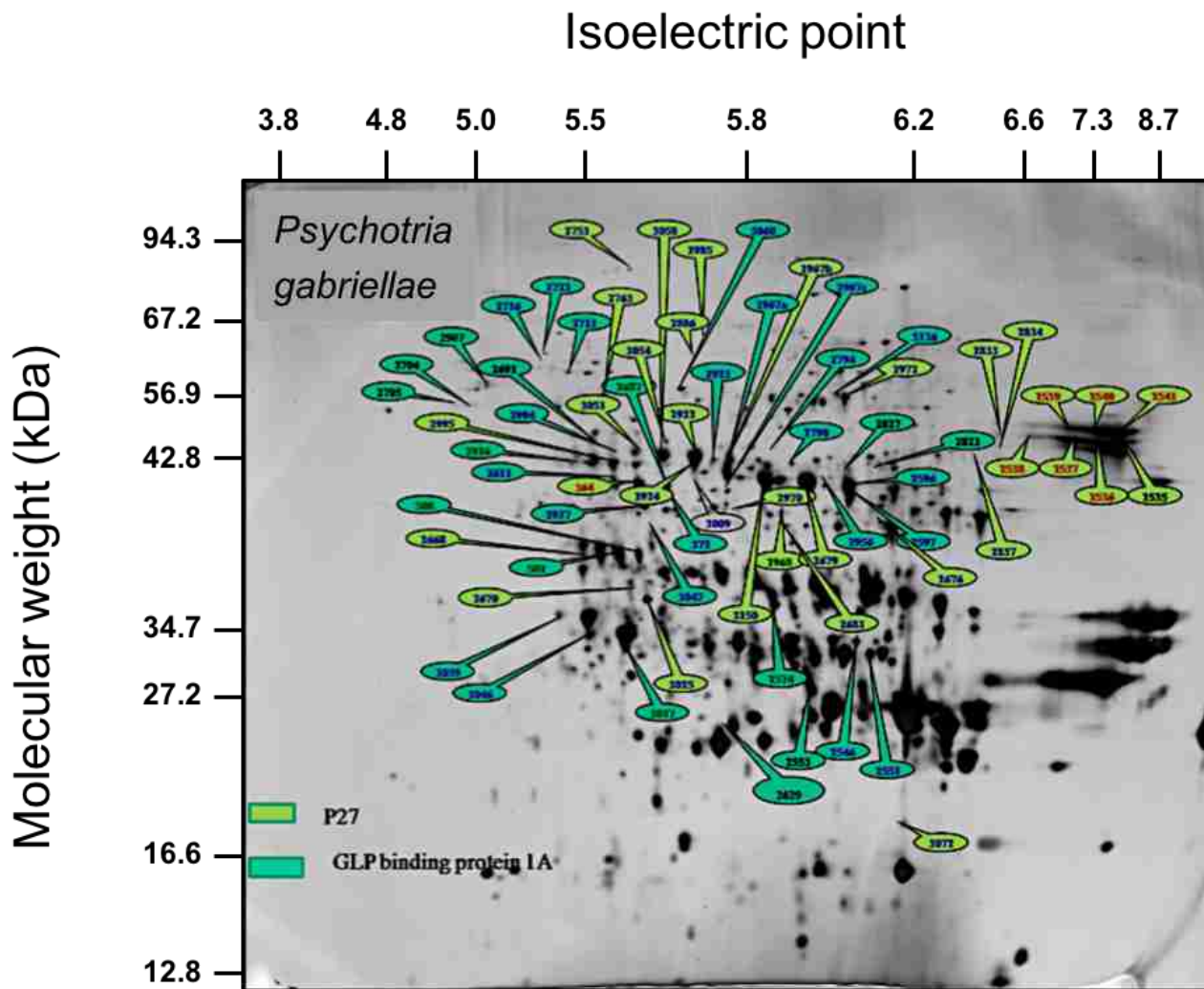


Figure S1. Gel 2D montrant les protéines albumines de *Psychotria gabriellae* identifiées comme appartenant à la classe fonctionnelle des protéines du métabolisme du phosphate. Le protéome contient deux protéines de cette classe : la protéine p27SJ de millepertuis (*Hypericum perforatum*) (représentée 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

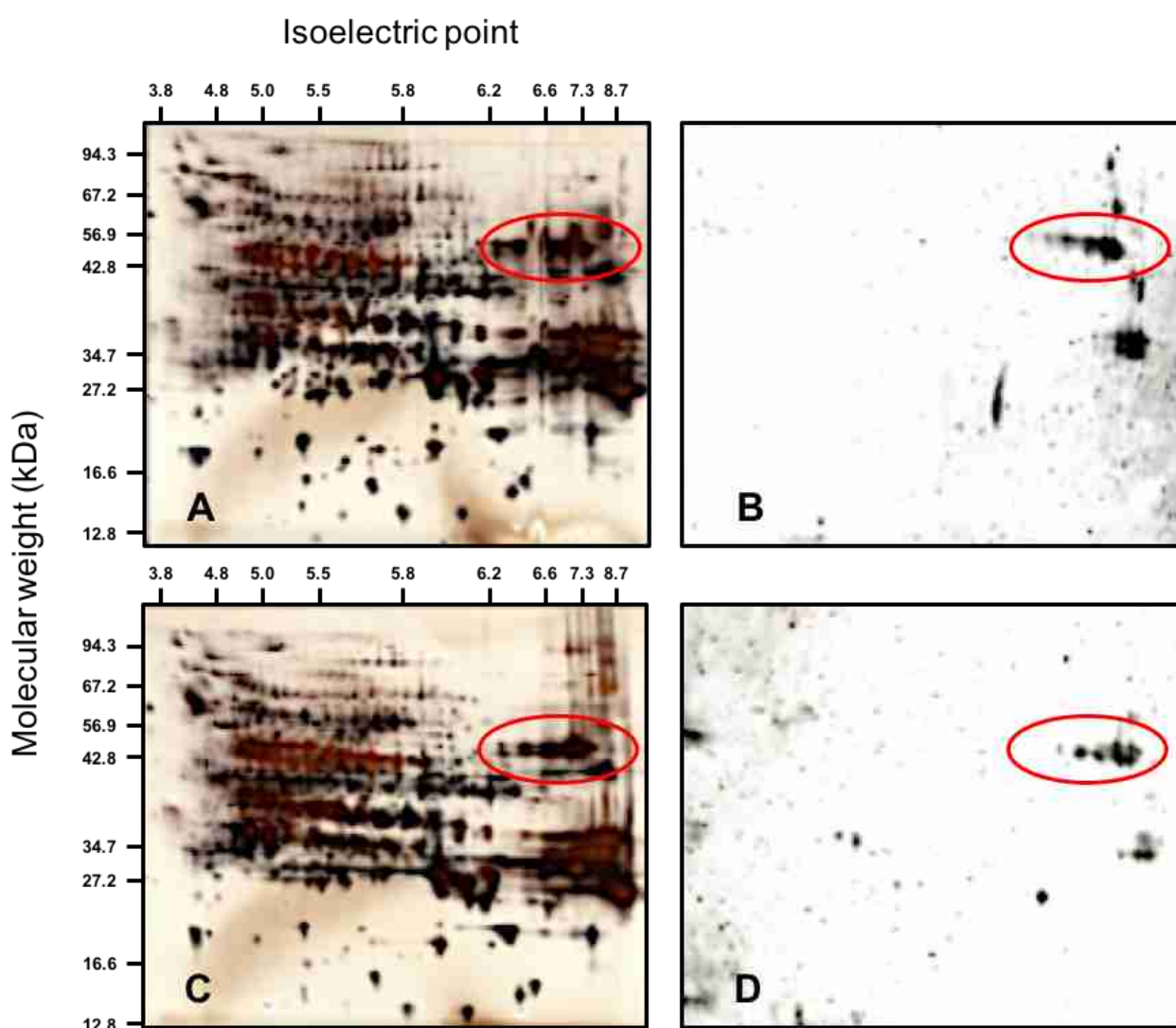


Figure S2. Gels d'électrophorèse bidimensionnelle des fractions albumines de différentes populations de graines matures de *Psychotria gabriellae*. A : graines récoltées à Poya (coloration des protéines à l'argent) ; C : graines récoltées au Mont Koghi (coloration des protéines à l'argent). B et D : 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).

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
ACAATGGACAATAAAAGGGCAGCTAAACC
GCGAGGTCAAGCAAATCCATAAAGTTGTT
CTCAGTTCGGATTGTAGTCTGCAACTCGAC
TACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGTAG
ATCAGCATGCTACGGTGAATACGTTCCCGG
GTCTTGACACACCGCCCGTCACACCACGA
GAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGAGTA
ACCATTATGGAGCTAGCCGTGGAAGTGGG
ACAATGATTGGGTGAGCGCGAGGGGCCCC
CCCCCAATCCTGTTTCCGGGGTTTTTTCC
CCCCGCGCGGAGAAATAGGCCCGGTTTAT
TATGTTTCTTCTCTCGCGAGACGAGTATTTT

GTCAAAAAACTTTCCACCCCCCTCGTTT
TTACCCTGCGGTTTTATCCCCGCTCGAGAA
AAACACCTCTGGTGCCTGCCACAGAGAA
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
AAGTTTTCCAGTTTCCAATGACCCTCCAG
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
 GTTGTAACTTTTCCGTCTCACCATGGGGAG
 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|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
 ATTGGAAACTGGAAAACCTTGGAGTGCAGAAG
 AGGAAAGTGAATTCATGTGTAGCGGTGA
 AATGCGCAGAGATATGGAGGAACACCAAGTG
 GCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTAC
 GCTGATGTGCGAAAGCGTGGGGATCAAACA
 GGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA
 AACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGGGTTTT
 CGCCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAA
 GCACTCCGCTGGGGAGTACGACCGCAAG
 GTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCC
 GCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTC
 GAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAAATCTT
 GACATCCTTTGACCGCTCTAGAGATAGAGT
 CTTCCCCTTCGGGGGACAAAGTGACAGGT
 GGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCTG

AGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCG
 CAACCCTTAAGCTTAGTTGCCATCATTAAAGT
 TGGGCACTCTAAGTTGACTGCCGGTGACA
 AACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAA
 TCATCATGCCCTTATGATTTGGGCTACAC
 ACGTGCTACAATGGACAATACAAAGGGCA
 GCTAAACCGCGAGGTCAAGCAAATCCCAT
 AAAGTTGTTCTCAGTTCGGATTGTAGTCTG
 CAACTCGACTACATGAAGCTGGAATCGCTA
 GTAATCGTAGATCAGCATGCTACGGTGAAT
 ACGTTCCCGGGTCTTGTACACACCCGCCG
 TCACACCACGAGAGTTTGTAAACACCCGAA
 GCCGGTGGAGTAACCATTTATGGAGCTAG
 CCGTCGAAGTGGGACAATGATGGGGTGAG
 CTCGAGGGGGGGCCCCCCCCCAAGTGT
 TTCGGGGTTTTTTCTACTCCGCCGGAAGA
 AATGGGCGAGGTTCTATTCTATTTTTTTTCT
 TCTCGTGTGAAAGAAGTTGTTGAAAAAAA
 AACTCTCTCTACCCCGGGGGTTGTTCTC
 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|Length:

1472Number of Matches: 1

Alignment statistics for match #1

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

>110822-33_G03_III-800R.ab1 1173

TGGAATCTTTTCGCATCAGCGTCAGTTACAG
 ACCAGAAAGTCGCCCTTCGCCACTGGTGT
 CCTCCATATCTCTGCGCATTTCACCGCTAC
 ACATGGAATTCCACTTTCTCTTCTGCACT
 CAAGTTTTCCAGTTTCCAATGACCCTCCAC
 GGTGAGCCGTGGGCTTTACATCAGACT

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
 GTCTCAGCTGAAAATTCGTGCGCCAGAAG
 TGAGCGTATCATACTGCTGAATTGTACGCCTC
 AGTCTAGCGAGGACGTACTCGACTG

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

GGGTGAAAGCCTGTGGCTCAACCACAGAA
 TTGCCTTCGATACTGGTTGGCTTGAGACC
 GGAAGAGGACAGCGGAAGTGCAGTGTA
 GAGGTGAAATTCGTAGATATTCGCAAGAAC
 ACCAGTGGCGAAGGCGGCTGTCTGGTCC
 GGTTCTGACGCTGAGGCGCGAAAGCGTG
 GGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTA
 GTCCACGCCGTAAACGATGAATGCCAGCC
 GTTGGCCTGCTTGCAGGTCAGTGGCGCC
 GCTAACGCATTAAGCATTCCGCCTGGGGA
 GTACGGTCGCAAGATTAAGCTCAAAGGAA
 TTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAG
 CATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGCAGA
 ACCTTACCATCCCTTGACATGGCATGTTAC
 CTCGAGAGATCGGGGATCCTCTTCGGAGG
 CGTGCACACAGGTGCTGCATGGCTGTCGT
 CAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAG
 TCCCGCAACGAGCGCAACCCACGTCTTA
 GTTGCCATCATTAGTTGGGCACTCTAGG
 GAGACTGCCGGTGATAAGCCGCGAGGAA
 GGTGTGGATGACGTCAAGTCCTCATGGCC
 CTTACGGGATGGGCTACACACGTGCTACA
 ATGGCGGTGACAGTGGGACGCGAAACCG
 CGAGGTTGAGCAAATCCCCAAAAGCCGTC
 TCAGTTCGGATTGCACTCTGCAACTCGGG
 TGCATGAAGGCGGAATCGCTAGTAATCGTG
 GATCAGCACGCCACGGTGAATACGTTCCC
 GGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCA
 TGGGAGTTGGTCTTACCCGACGGCGCTGC
 GCCAACC GCAAGGAGGCAGCGACCACGG
 TAGGGTCAGCGACTGGGGTGAGCGCGAG
 GGGGGGCGGCGCTCCCCCATGCGCTTTC
 CGCGGGGGTTTATATTTCTGTGGGGTATAT
 TTATCTCGCGCAGAAAGAAAAGAAGCTATT
 ACCCCACGGAGTGCTTTACTATCCCTCGCA
 GGGAGGGGTGCGCACGTGGGTCCCCCCCA
 GTGAGAATATTACTGTCTCGTCCGCTCA
 GAGGTAGAGGTGGTGCCTGCCCCACAC
 CGGGGGGGGAGTAGTCTCGCCACCACCA
 GCTATAGATATGCCCTGAGTAGATCAGCCC
 ACTCAACACCACTACAATCAGCACGACCG
 CTGCCTCGTCGTATGATACTCCTACTCACG
 TACCTACATGAGTGGTACTAGATATACTAGT
 AAT

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
 GAACCTATTAATACCAATTGTTTTTTGTGCG
 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
 TCTTCACTCACGCGCGTTGCTCGGTCAG
 ACTTTCGTCCATTGCCGAAGATTCCCTACT
 GCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGT
 CTCAGTCCCAGTGTGGCCGATCACCCCTCT
 CAGGTCCGGCTATGCATCACGGTCTTGTA
 GGCCATTACCCACCAACTAATAATGCAG
 CGCGGGCCCATCCAACAGTGACACCGAA
 GCGTCTTTTATTATTCTCCCATGCGGGAAA
 ACAATTATGCGGTATTAGCACCTGTTTCCA
 AGTGTATCCCCCTCTGTTGGGCAGGTTG
 CCCACGTGTTACTCACCCGTCCGCCACTC
 TTTGATTTTCGGTGGAGCAAGCTCCGGTG
 AAAATCAAAGCGTTCGACTTGATGTATTA
 GGCACGCCGCCAGCGTTCGTCTGAGTG
 AATAAACCCCTCTCTTATGAGTTTAAACG

Matériel supplémentaire

GTAAGAGGGGAATTTTCGGCGCGTCTTCTCC
 CAATCCCCTGCCCCCTTTTAAAAAAAC
 CCCCCCGGGGAGAGGGGTTACCCCT
 AAAAAAAAAAAAAACGTGTGGGGGGCGTG
 CTCCCCCGTGGAAGAATGAGGATTGTTGT
 ATTAACCAAATAAAAAAACAGCGGGGGG
 GGGGATTATCTTGGCCGCTCCACAGAAGA
 AAAAAATACCCTTGGGGGAAAAAGAATACC
 CCGGGGGGGTGTGTGTCTGAAAACAGCTG
 GTGTGAGGAGAAGAGAAGTCCCTCCCACC
 ACCCGGAGCCGTCTGAAAGATTATATTTCT
 CGCATAGCAACAATCCGCAACGCGCCGCG
 GACAAGCGAGAGTAAGAACGATACAGTGA
 GAGAATAAGCCCCATCCCTCCCCTAGGCTT
 GTCGAACATCGCTCCTACGGGCATGGTGAA
 TACGCAATAGCACCCGCACCGAGAGGGTGA
 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
 GAAAGTGAATTCCATGTGTAGCGGTGAAA
 TGCGTAGAGATATGGAGGAACACCAAGTGGC
 GAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTACAC
 TGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAG
 GATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA
 CGATGAGTGCTAAGTGTTAGAGGGTTTCCG
 CCCTTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCA
 CTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCT
 GAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGC
 ACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTGCA
 AGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGA
 CATCCTCTGAAAACCCTAGAGATAGGGCTT

CTCCTTCGGGAGCAGAGTGACAGGTGGT
 GCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCGTGAG
 ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA
 ACCCTTGATCTTAGTTGCCATCATAAGTTG
 GGCACCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAA
 CCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATC
 ATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACAC
 GTGCTACAATGGACGGTACAAAGAGCTGC
 AAGACCGCGAGGTGGAGCTAATCTCATAA
 AACCGTTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCA
 ACTCGCCTACATGAAGCTGGAATCGCTAGT
 AATCGCGGATCAGCATGCGCGGGGTGAAA
 ATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCC
 CGTCACACCACGAGAGTTTGTAAACCCCG
 AAGTCGGTGGGGTAACCTTTTTGGAGCCA
 GCCGCCTAAGGTGGGACAGATGATGGGGT
 GATCTCGCGGGCCCCCCTCTCTCCCTT
 TACTGTATGCCCGCGTTTGTGTTTAGGG
 TGCTCGCCCGGGGGGGGCATAATAATGA
 ATAAGTTGTGCTTCTCTCCCCACGAAGT
 GTGATATATTGAGACGCTATTTCCCTCCACC
 CACCGGGGCGCGGGTGTACATAAGATCAC
 ATTTCTGAGATAGGACAAATATCGTCATCTC
 GTGCGGTAGCAGACAGATTAGTTCGTGAC
 TCAAGTGAGAAGTCAACACACATCCGTAG
 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
CAGCCCCCTGGGATAAACACTGACGCTCATG
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

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

Pour CP001030 :

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

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

Pour AE016878 :

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>