



# Unraveling the *Tropaeolum majus* L. (nasturtium) Root-Associated Bacterial Community in Search of Potential Biofertilizers

Isabella Dal’Rio, Jackeline Rossetti Mateus and Lucy Seldin \*

## Supplementary Material

**Table S1.** Physicochemical properties of the rhizosphere (n = 5) and bulk soil (n = 5) associated with *Tropaeolum majus*.

Parameters	Rhizosphere	Bulk soil
pH	5.6	5.5
Organic Matter (mg/dm <sup>3</sup> )	350	410
Total Organic Carbon (mg/dm <sup>3</sup> )	200	240
C:N ratio	8.16	6.03
Cation exchange capacity (cmolc/dm <sup>3</sup> )	12.21	13.07
Sum-of-bases (cmolc/dm <sup>3</sup> )	10.31	10.87
V%	83	84
H <sup>+</sup> (cmolc/dm <sup>3</sup> )	1.9	2.2
Al <sup>3+</sup> (cmolc/dm <sup>3</sup> )	0	0
m%	0	0
<b>Macronutrients</b>		
P (mg/dm <sup>3</sup> )	159	160
Ca (cmolc/dm <sup>3</sup> )	7.2	8.2
Mg (cmolc/dm <sup>3</sup> )	2.3	2.3
K (cmolc/dm <sup>3</sup> )	0.6	0.19
S (mg/dm <sup>3</sup> )	36	6
N (ppm)	2449.5	3980.43
<b>Micronutrients</b>		
B (mg/dm <sup>3</sup> )	1.42	1.69
Cu (mg/dm <sup>3</sup> )	3.9	3.3
Fe (mg/dm <sup>3</sup> )	29	23
Mn (mg/dm <sup>3</sup> )	42	45.2
Zn (mg/dm <sup>3</sup> )	23	22
Co (mg/dm <sup>3</sup> )	0.3	0.4
Mo (mg/dm <sup>3</sup> )	0.2	0.1

**Table S2.** Plant growth-promoting ability of the 236 bacterial isolates to phosphate mineralization (PM), phosphate solubilization (PS), siderophore production (SID), production of antimicrobial substances (AMS), production indole-related compounds (IRCs) and presence of *nifH* gene (*nifH*).

Strain	PM	PS	SID	AMS	IRCs	<i>nifH</i>
<b>Plant 1</b>						
E1	+	+	+	+	+	+
E2	+	–	+	–	+	–
E3	–	–	–	–	–	–
E4	+	+	+	+	+	+
E5	+	–	+	–	+	–
E6	+	+	+	+	+	+

E7	+	+	+	+	−	+
E8	+	+	+	+	+	−
E9	+	−	+	−	+	−
E10	+	−	+	−	+	−
E11	+	+	+	+	+	−
E12	+	−	+	+	+	−
E13	+	−	+	+	−	−
E14	+	+	+	+	+	+
E15	+	+	+	+	+	−
E16	+	−	+	+	+	−
E17	+	+	+	+	+	−
E18	+	+	+	+	+	−
E19	+	−	−	−	−	−
E20	+	+	−	+	−	−
E21	+	+	+	+	−	−
E22	+	−	+	+	−	−
E23	+	+	+	+	−	−
E24	+	+	+	+	+	+
E25	−	+	+	−	−	−
E26	+	+	+	+	+	+
E27	+	+	+	+	+	+
E28	+	+	+	+	+	+
E29	+	+	+	+	+	−
E30	+	+	+	+	−	−
E31	−	+	+	+	−	−
E32	−	−	+	+	+	−
E33	+	+	+	−	+	−
E34	+	+	+	+	+	+
E35	+	+	+	+	+	−
E36	+	−	+	−	+	−
E37	+	−	+	+	−	−
E38	+	+	+	+	−	−
E39	+	−	+	+	−	−
E40	+	+	+	+	−	−
E41	+	−	+	+	−	−
E42	+	−	+	+	−	−
E43	−	−	+	−	−	+
E44	+	+	+	+	−	−
E45	+	+	+	+	−	−
E46	−	+	+	−	−	+
E47	−	+	+	+	−	−
E48	−	−	+	+	−	−
E49	+	+	+	+	−	−
<b>Plant 2</b>						
E50	+	+	+	+	+	+
E51	+	+	+	−	−	−
E52	+	+	+	+	+	+
E53	+	+	+	+	+	+
E54	+	+	+	+	+	+
E55	+	+	+	−	+	+
E56	+	−	+	−	+	+

---

E57	+	+	+	+	+	−
E58	+	+	−	−	−	−
E59	+	+	+	−	−	−
E60	+	+	+	+	+	+
E61	+	−	+	+	+	−
E62	+	+	+	−	+	+
E63	+	+	+	+	−	−
E64	+	+	+	+	+	−
E65	+	−	+	−	−	−
E66	+	+	+	+	−	−
E67	+	+	+	+	+	−
E68	+	+	+	+	−	−
E69	+	+	+	+	−	−
E70	+	−	+	−	+	−
E71	+	−	+	−	−	−
E72	+	+	+	+	−	−
E73	+	+	+	−	−	−
E74	+	−	+	+	+	−
E75	+	+	+	+	+	−
E76	+	−	+	−	−	−
E77	+	+	+	+	+	−
E78	+	+	+	+	+	−
E79	+	+	+	+	+	+
E80	+	+	+	+	+	−
E81	+	+	+	+	−	−
E82	+	−	+	+	−	−
E83	−	+	+	−	+	−
E84	+	+	+	−	−	−
E85	+	−	−	+	−	−
E86	+	−	−	+	+	−
E87	+	−	−	+	−	−
E88	+	+	+	−	+	−
E89	+	−	−	+	+	−
E90	+	−	+	+	+	−
E91	+	−	+	+	+	−
E92	+	+	+	+	+	−
E93	−	+	+	−	−	−
E94	−	+	−	+	−	−
E95	+	+	+	+	+	−
E96	−	+	+	−	−	−
E97	+	−	+	+	+	−
E98	+	+	−	+	−	−
E99	+	+	+	−	−	−
E100	+	−	−	−	−	−
E101	+	+	+	+	+	−
E102	+	−	+	+	+	−
E103	+	+	+	+	+	−
E104	+	−	−	+	+	−
E106	−	+	+	−	−	−
E107	−	−	+	−	−	−
E108	+	+	+	−	+	−

E109	–	–	–	–	–	–
E110	–	–	–	–	–	–
E111	+	–	–	–	–	–
E112	+	–	–	+	+	–
E113	+	–	–	+	–	–
E114	+	+	+	–	+	–
<b>Plant 3</b>						
E115	–	–	–	–	–	–
E116	+	+	+	–	–	–
E117	–	+	–	+	–	–
E118	–	+	–	+	–	–
E119	–	+	–	+	–	–
E120	+	+	+	+	–	–
E121	–	+	–	+	–	–
E122	+	+	+	+	–	–
E123	+	+	–	+	–	–
E124	–	–	–	–	–	–
E125	–	+	–	+	–	–
E126	+	+	+	+	–	–
E127	–	+	–	+	–	–
E128	–	+	–	+	–	–
E129	–	+	–	–	–	–
E130	–	+	–	+	–	–
E131	–	+	–	+	–	–
E132	–	+	–	+	–	–
E133	+	+	+	+	–	+
E134	+	–	–	+	–	–
E135	–	–	–	–	–	–
E136	–	+	–	+	–	–
E137	–	+	–	–	–	–
E138	–	+	–	–	–	–
<b>Plant 4</b>						
E140	–	–	–	+	–	–
E141	+	+	+	–	+	–
E142	+	–	–	–	–	–
E143	+	+	+	–	+	+
E144	+	+	+	–	+	–
E145	–	–	–	–	–	–
E146	–	–	–	–	–	–
E147	+	+	+	–	+	–
E148	+	+	+	–	+	–
E149	–	–	–	+	–	–
E150	+	+	–	+	–	–
E151	–	–	–	–	–	–
E152	+	+	+	+	+	+
E153	–	+	–	+	+	–
E154	+	+	–	+	–	–
E155	–	+	–	+	–	–
E156	+	+	–	+	–	–
E157	–	–	–	–	–	–
E158	+	+	+	+	+	–

E159	−	−	−	−	−	−
E160	+	+	+	−	+	−
E161	−	−	−	+	−	−
E162	+	+	+	+	+	+
E163	−	−	−	+	+	−
E164	−	+	−	−	−	−
E165	−	+	−	−	−	−
E166	−	+	−	+	+	−
E167	−	−	+	+	+	−
E168	+	+	+	−	+	−
E169	−	+	−	−	−	−
E170	+	−	−	−	−	−
E171	−	+	+	−	+	−
E172	−	+	+	−	+	−
E173	−	+	−	−	−	−
E174	+	+	−	−	−	+
E175	−	+	−	+	−	−
E176	+	+	−	+	−	−
<b>Plant 5</b>						
E177	−	+	+	+	+	−
E178	−	+	+	+	+	+
E179	−	+	+	+	+	−
E180	−	+	−	+	−	−
E181	−	+	+	+	+	−
E182	−	+	+	+	+	−
E183	−	+	+	+	+	−
E184	−	+	+	+	+	−
E185	+	+	+	−	−	−
E186	−	+	+	+	−	−
E187	−	+	+	+	+	−
E188	+	−	−	−	−	−
E189	−	+	+	−	−	+
E190	+	+	+	+	+	−
E191	−	+	+	+	+	−
E192	−	+	+	−	+	−
E193	+	+	+	+	+	−
E194	+	+	+	+	+	−
E195	−	+	+	+	−	−
E196	−	+	+	+	+	−
E197	+	+	+	+	+	−
E198	+	+	+	+	+	−
E199	+	+	+	+	+	−
E200	−	−	+	−	+	−
E201	+	+	+	+	−	+
E202	−	+	+	−	+	−
E203	−	+	+	+	+	−
E204	+	+	+	+	+	−
E205	−	−	+	−	+	−
E206	+	+	+	+	+	−
E207	−	+	+	+	−	−
E208	−	+	+	+	+	−

E209	−	+	+	+	+	−
E210	+	+	+	+	+	−
E211	−	+	+	−	+	−
E212	−	+	+	+	−	−
E213	−	+	+	+	−	−
E214	−	+	+	−	−	−
E215	+	−	−	+	−	−
E216	+	−	−	+	−	−
E217	+	−	−	+	−	−
E218	+	−	−	+	−	−
E219	−	−	+	−	−	−
E220	−	+	−	−	−	−
E221	+	+	+	−	−	−
E222	+	+	−	+	−	−
E223	+	+	+	−	−	−
E224	+	−	−	+	−	−
E225	+	+	−	+	−	−
E226	+	−	−	+	+	−
E227	+	+	−	+	−	−
E228	+	+	+	−	−	−
E229	+	+	−	+	−	−
E230	−	+	−	−	−	−
E231	+	−	−	+	−	−
E232	+	−	−	+	−	−
E233	+	+	−	−	−	−
E234	+	+	+	−	−	−
E235	+	+	+	−	−	−
E236	+	+	+	+	−	−
E237	−	+	−	+	+	−
E238	+	+	+	+	−	+

**Table S3.** Molecular identification of 76 endophytic bacteria isolated from *Tropaeolum majus* through 16S rRNA sequencing. All strains were positive in at least four out of six plant growth-promoting tests. The fragment size of each sequence is provided in base pairs (bp). The first hits in the BLASTn database are presented, and identities higher than 97% were considered to identify the strains at the genus level.

Strain	Fragment Size (bp)	Identity	Closely Related Taxa (BLASTn)	Final Identification (Genus Level)
E1	1489	>98%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E4	1545	>98%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E6	1544	>98%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E8	1542	>99%	<i>Enterobacter mori</i> <i>Enterobacter asburiae</i> <i>Enterobacter cloacae</i>	<i>Enterobacter</i>
E11	1503	>99%	<i>Enterobacter asburiae</i> <i>Enterobacter cloacae</i> <i>Enterobacter roggenkampii</i>	<i>Enterobacter</i>

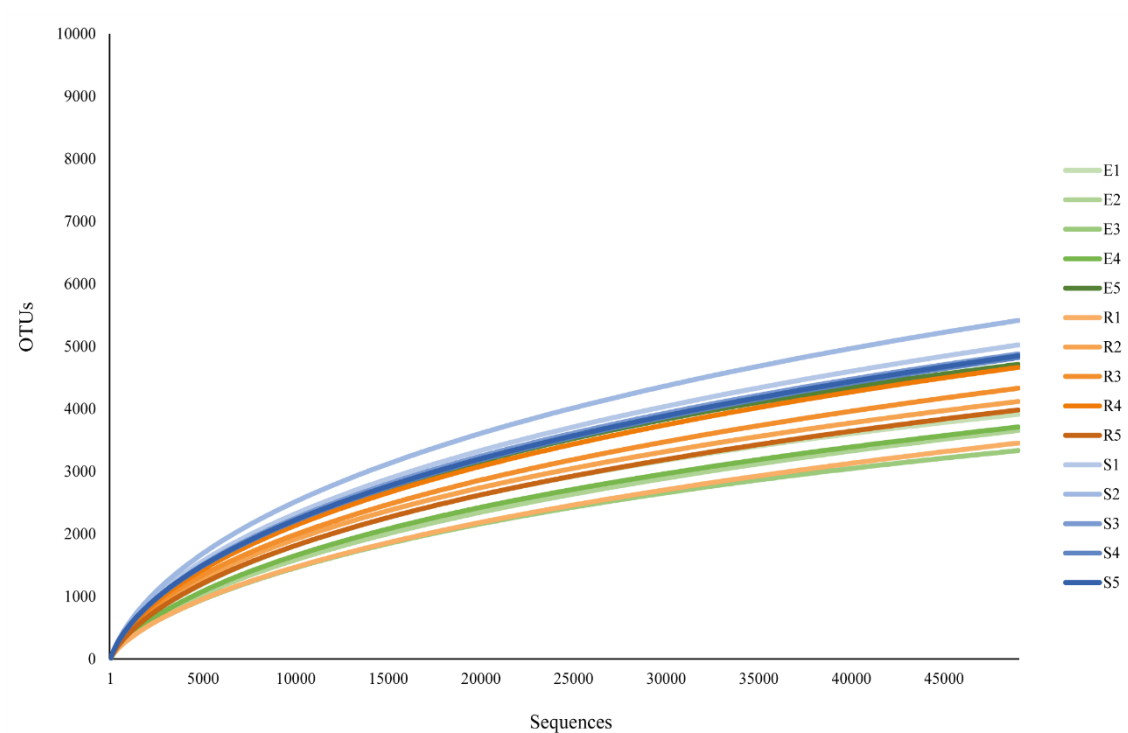
E12	1518	>99%	<i>Staphylococcus warneri</i> <i>Staphylococcus</i> <i>pasteuri</i>	<i>Staphylococcus</i>
E14	1504	>98%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E15	1506	>99%	<i>Enterobacter asburiae</i> <i>Enterobacter</i> <i>cloacae</i> <i>Enterobacter roggenkampii</i>	<i>Enterobacter</i>
E16	1503	>99%	<i>Enterobacter asburiae</i> <i>Enterobacter</i> <i>cloacae</i> <i>Enterobacter roggenkampii</i>	<i>Enterobacter</i>
E17	1503	>99%	<i>Serratia plymuthica</i> <i>Serratia inhibens</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>
E23	1510	>98%	<i>Enterobacter asburiae</i> <i>Enterobacter</i> <i>cloacae</i> <i>Enterobacter roggenkampii</i>	<i>Enterobacter</i>
E26	1055	>97%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E27	1544	>98%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E29	1543	>99%	<i>Enterobacter asburiae</i> <i>Enterobacter</i> <i>cloacae</i> <i>Enterobacter roggenkampii</i>	<i>Enterobacter</i>
E33	1544	>98%	<i>Serratia plymuthica</i> <i>Serratia inhibens</i> <i>Serratia liquefaciens</i> <i>Serratia proteamaculans</i>	<i>Serratia</i>
E34	1545	>99%	<i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>
E35	1542	>98%	<i>Pantoea agglomerans</i> <i>Pantoea</i> <i>vagans</i> <i>Pantoea</i> <i>ananatis</i>	<i>Pantoea</i>
E45	1551	>99%	<i>Bacillus</i> sp.	<i>Bacillus</i>
E49	1520	>99%	<i>Bacillus</i> sp.	<i>Bacillus</i>
E50	1546	>99%	<i>Serratia proteamaculans</i> <i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>
E52	1546	>99%	<i>Serratia proteamaculans</i> <i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i> <i>Raoultella terrigena</i>	<i>Serratia</i>
E53	1543	>98%	<i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i> <i>Serratia proteamaculans</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E54	1547	>99%	<i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i> <i>Serratia proteamaculans</i>	<i>Serratia</i>
E55	1552	>99%	<i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i> <i>Serratia plymuthica</i>	<i>Serratia</i>
E57	1543	>99%	<i>Serratia inhibens</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>

E60	1545	>98%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i> <i>Raoultella terrigena</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E62	1549	>98%	<i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E63	1544	>99%	<i>Pantoea agglomerans</i> <i>vagans</i> <i>ananatis</i>	<i>Pantoea</i> <i>Pantoea</i> <i>Pantoea</i>
E64	1546	>99%	<i>Serratia proteamaculans</i> <i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>
E66	1550	>97%	<i>Pantoea agglomerans</i> <i>vagans</i> <i>ananatis</i>	<i>Pantoea</i> <i>Pantoea</i> <i>Pantoea</i>
E67	1545	>98%	<i>Serratia plymuthica</i> <i>Serratia inhibens</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>
E68	1542	>98%	<i>Enterobacter</i> sp.	<i>Enterobacter</i>
E69	1540	>99%	<i>Pseudomonas fluorescens</i> <i>kribbensii</i> <i>Pseudomonas chlororaphis</i>	<i>Pseudomonas</i>
E72	1068	>99%	<i>Serratia entomophila</i> <i>Serratia plymuthica</i> <i>Serratia marcenses</i>	<i>Serratia</i>
E77	1542	>99%	<i>Serratia proteamaculans</i> <i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>
E78	1547	>99%	<i>Serratia proteamaculans</i> <i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>
E79	1544	>98%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E80	1550	>98%	<i>Pantoea agglomerans</i> <i>vagans</i> <i>Serratia proteamaculans</i>	<i>Pantoea</i> <i>Pantoea</i> <i>Pantoea</i>
E81	1543	>98%	<i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>
E88	1545	>98%	<i>Pantoea agglomerans</i> <i>vagans</i> <i>ananatis</i>	<i>Pantoea</i> <i>Pantoea</i> <i>Pantoea</i>
E92	1555	>99%	<i>Bacillus thurigiensis</i> <i>Bacillus cereus</i>	<i>Bacillus</i>
E95	1558	>99%	<i>Bacillus thurigiensis</i> <i>Bacillus cereus</i>	<i>Bacillus</i>
E97	1561	>99%	<i>Bacillus thurigiensis</i> <i>Bacillus cereus</i>	<i>Bacillus</i>
E101	1504	>98%	<i>Klebsiella michiganensis</i> <i>oxytoca</i> <i>grimonti</i>	<i>Klebsiella</i> <i>Klebsiella</i> <i>Klebsiella</i>

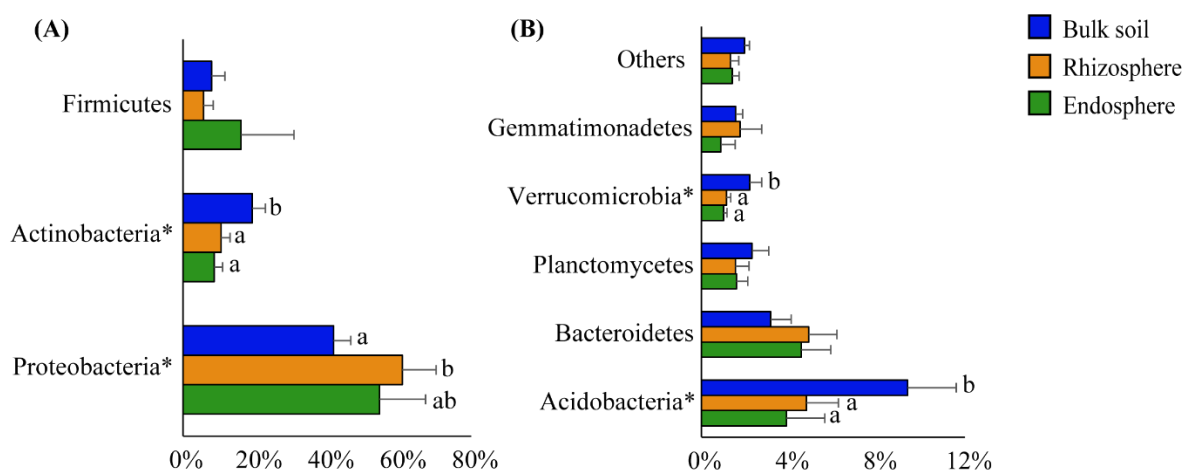


E102	1506	>98%	<i>Klebsiella michiganensis</i> <i>oxytoca</i>	<i>Klebsiella</i> <i>Klebsiella</i>	<i>Klebsiella</i>
E108	1012	>97%	<i>grimonti</i> <i>Mycolicibacterium phocaium</i> <i>Mycolicibacterium mucogenicum</i> <i>Serratia liquefaciens</i>		<i>Mycolicibacterium</i>
E114	1508	>99%	<i>Serratia proteamaculans</i> <i>grimesii</i>	<i>Serratia</i>	<i>Serratia</i>
E126	1506	>99%	<i>Serratia inhibens</i> <i>Serratia plymuthica</i> <i>Raoultella terrigena</i>		<i>Serratia</i>
E133	1512	>98%	<i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i> <i>Serratia ficaria</i>		<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E141	1506	>98%	<i>Serratia entomophila</i> <i>Serratia plymuthica</i> <i>Serratia ficaria</i>		<i>Serratia</i>
E147	1003	>97%	<i>Serratia entomophila</i> <i>Serratia plymuthica</i>		<i>Serratia</i>
E148	1504	>99%	<i>Enterobacter asburiae</i> <i>cloacae</i> <i>Enterobacter mori</i>	<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter</i>
E152	1506	>98%	<i>Raoultella terrigena</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i> <i>Citrobacter freundii</i>		<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E158	1508	>99%	<i>Citrobacter portucalensis</i> <i>Citrobacter braakii</i>	<i>Citrobacter</i>	<i>Citrobacter</i>
E160	1506	>98%	<i>Serratia ficaria</i> <i>Serratia entomophila</i> <i>Serratia plymuthica</i> <i>Raoultella terrigena</i>		<i>Serratia</i>
E162	1504	>98%	<i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Klebsiella aerogenes</i> <i>Serratia marcescens</i>		<i>Raoultella/Klebsiella</i>
E177	1511	>98%	<i>Serratia ureilytica</i> <i>Serratia surfactantfaciens</i>		<i>Serratia</i>
E179	1092	>97%	<i>Enterobacter asburiae</i> <i>cloacae</i> <i>Enterobacter mori</i> <i>Serratia marcescens</i>	<i>Enterobacter</i>	<i>Serratia</i>
E181	1505	>99%	<i>Serratia ureilytica</i> <i>Serratia surfactantfaciens</i>		<i>Serratia</i>
E182	1507	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>		<i>Serratia</i>
E183	1487	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>		<i>Serratia</i>
E184	1507	>98%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>		<i>Serratia</i>
E187	1003	>97%	<i>Serratia proteamaculans</i> <i>Serratia grimesii</i> <i>Serratia liquefaciens</i>		<i>Serratia</i>

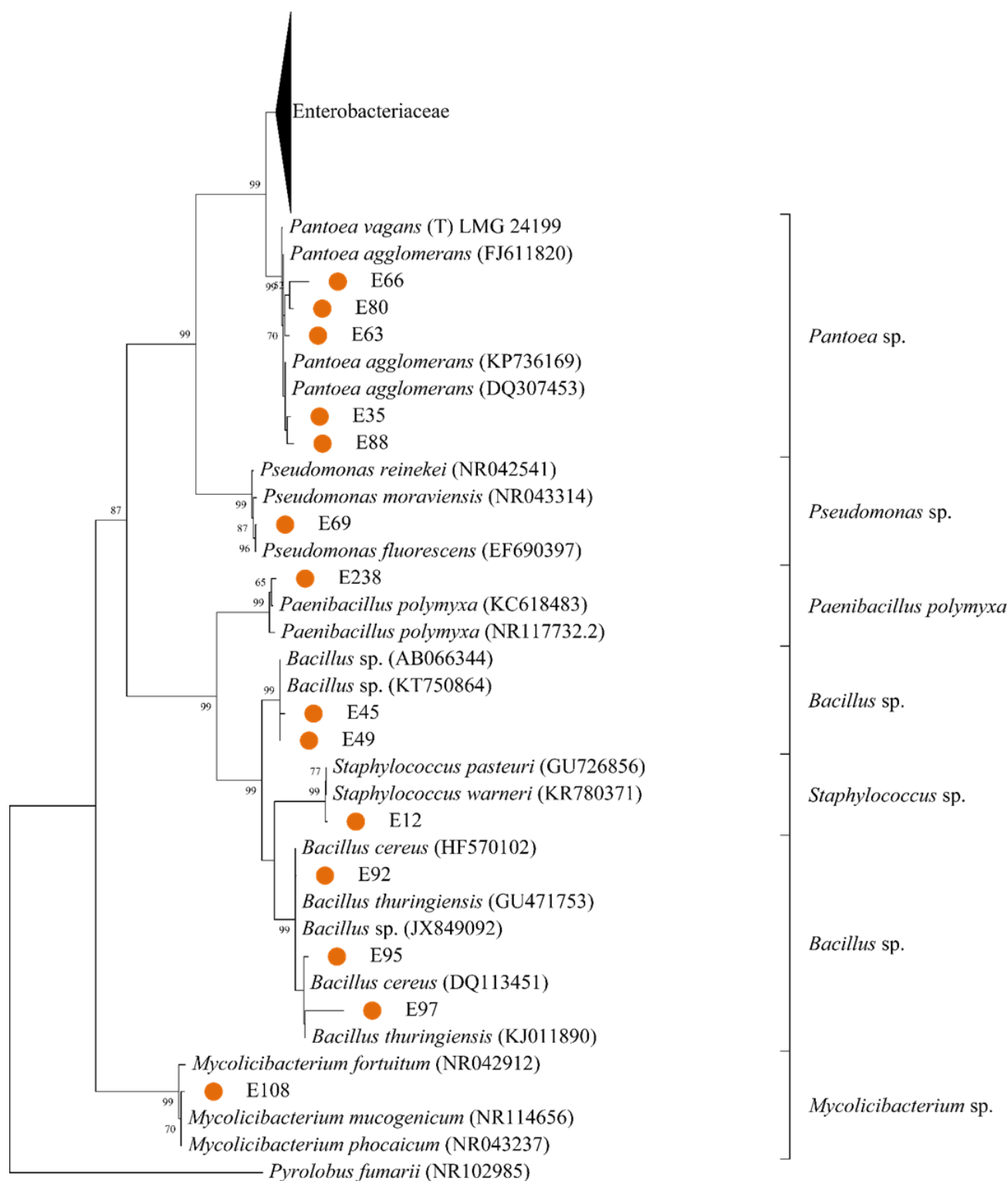
<b>E190</b>	1514	>98%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>	<i>Serratia</i>
<b>E193</b>	1504	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>	<i>Serratia</i>
<b>E194</b>	1506	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>	<i>Serratia</i>
<b>E197</b>	1511	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i> <i>Serratia surfactantfaciens</i>	<i>Serratia</i>
<b>E198</b>	1506	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i> <i>Serratia marcescens</i>	<i>Serratia</i>
<b>E199</b>	1513	>98%	<i>Serratia ureilytica</i> <i>Serratia surfactantfaciens</i>	<i>Serratia</i>
<b>E203</b>	1006	>97%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia surfactantfaciens</i>	<i>Serratia</i>
<b>E204</b>	1506	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i> <i>Serratia surfactantfaciens</i>	<i>Serratia</i>
<b>E206</b>	1508	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>	<i>Serratia</i>
<b>E208</b>	1508	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>	<i>Serratia</i>
<b>E209</b>	1503	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>	<i>Serratia</i>
<b>E210</b>	1505	>99%	<i>Serratia marcescens</i> <i>Serratia ureilytica</i>	<i>Serratia</i>
<b>E238</b>	1562	>98%	<i>Paenibacillus polymyxa</i> <i>Paenibacillus</i> <i>kribbensis</i> <i>Paenibacillus peoriae</i>	<i>Paenibacillus</i>



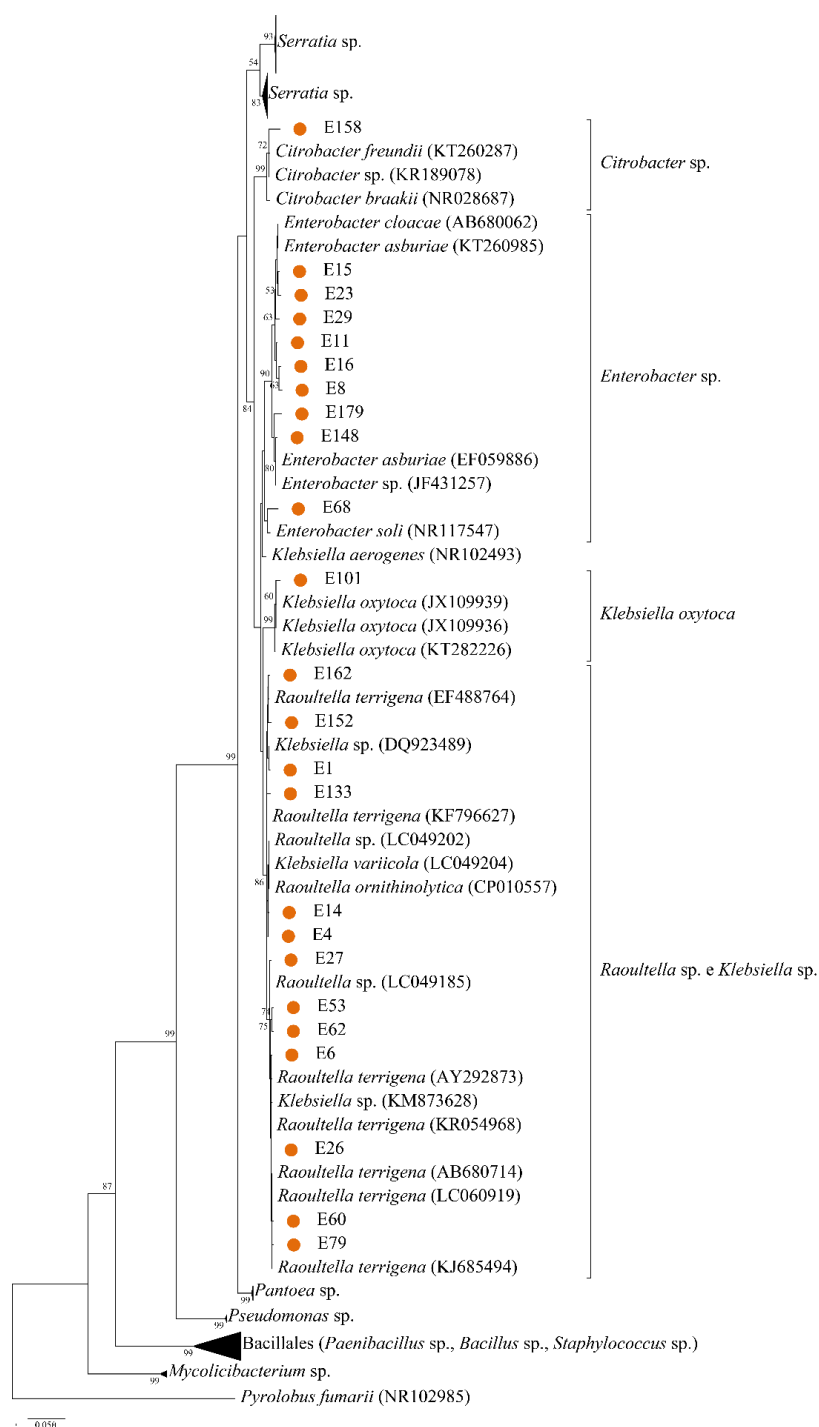
**Figure S1.** Rarefaction curves of the replicates of the three sites associated with *Tropaeolum majus* L.: endosphere (E–green), rhizosphere (R–orange) and bulk soil (S–blue).



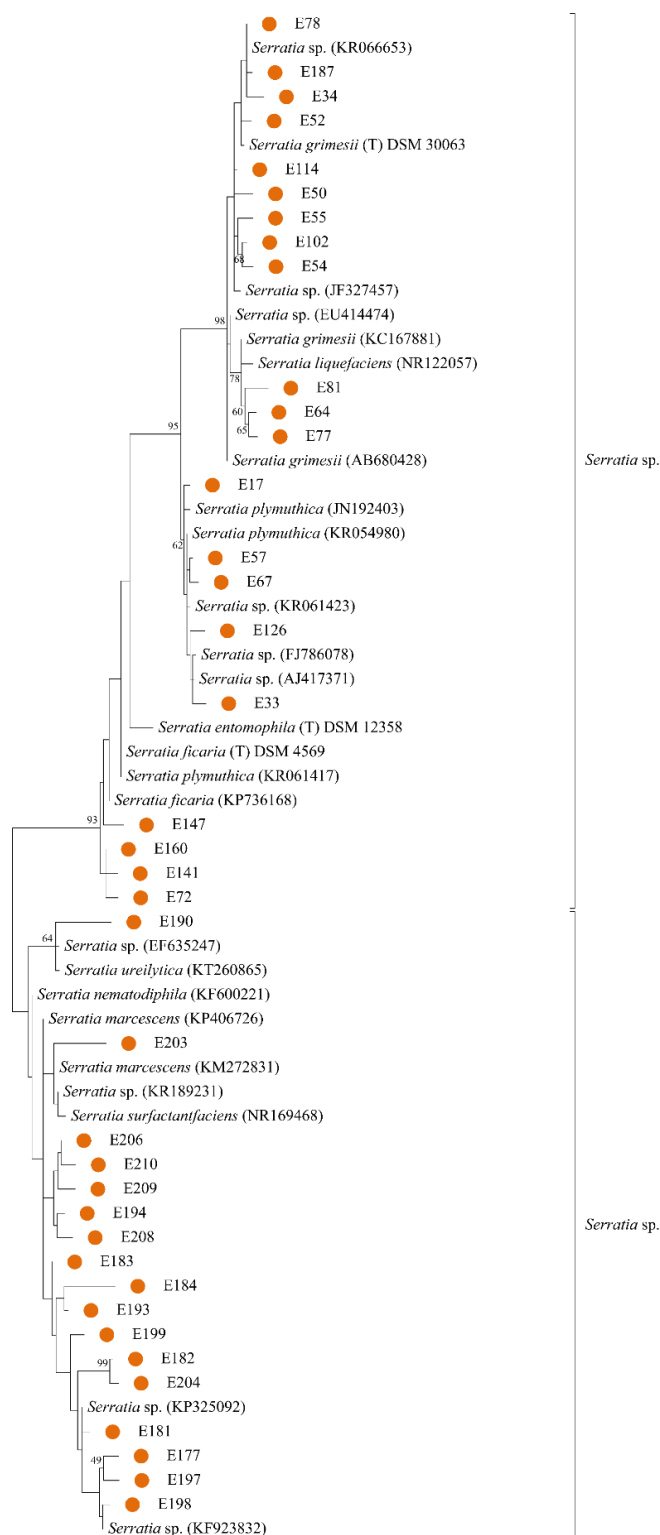
**Figure S2.** Relative abundance of eight bacterial phyla identified with 16S rRNA amplicon meta-genomic sequencing of bulk soil, rhizosphere and endosphere samples associated with *Tropaeolum majus*. Asterisks indicate statistically significant differences among the phyla. Different letters next to the error bars refer to the sites that were significantly different within one phylum (Tukey's test,  $p < 0.05$ ). (A) Up to 80% relative abundance and (B) up to 12% relative abundance.



**Figure S3.** Maximum likelihood tree of the multiple alignment of the 16S rRNA-encoding gene of *Tropaeolum majus* isolated strains (marked with orange circles) and related species. The GenBank accession number of each sequence is shown in parentheses. The clades associated with the Enterobacteriaceae family are collapsed to a better comprehension of the tree. Bootstrap values are expressed as percentages of 500 replications and are shown at branch points. *Pyrolobus fumarii* was used as the outgroup. Bar = substitutions per nucleotide position.



**Figure S4.** Maximum likelihood tree of the multiple alignment of the 16S rRNA-encoding gene of *Tropaeolum majus* isolated strains (marked with orange circles) and related species. The GenBank accession number of each sequence is shown in parentheses. The clades associated with the Enterobacteriaceae family are highlighted (with the exception of the *Serratia* genus), and the remaining clades are collapsed to a better comprehension of the tree. Bootstrap values are expressed as percentages of 500 replications and are shown at branch points. *Pyrolobus fumarii* was used as the outgroup. Bar = substitutions per nucleotide position.



**Figure S5.** Maximum likelihood tree of the multiple alignment of the 16S rRNA-encoding gene of *Tropaeolum majus* isolated strains (marked with orange circles) and related species. The GenBank accession number of each sequence is shown in parentheses. The clades associated with the *Serratia* genus are highlighted, and the remaining clades are hidden to a better comprehension of the tree. Bootstrap values are expressed as percentages of 500 replications and are shown at branch points. *Pyrolobus fumarii* was used as the outgroup. Bar = substitutions per nucleotide position.