

Supplementary materials

Table S1. Relative abundance of the bacterial classes associated with the *G. clandestina* seed microbiome *belonging* to G1 and G2 (T and C) seed. Taxa occurring at >0.1% are highlighted in bold.

Taxonomic Level		Relative Abundance (%)		
Phylum	Class	G1 Seed	G2 Seed (T)	G2 Seed (C)
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	1.830	1.617	0.208
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	1.900	1.152	1.341
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	0.327	0.587	0.098
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	93.904	11.486	19.894
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	0.734	0.319	0.055
<i>Elusimicrobiota</i>	<i>Elusimicrobia</i>	0.040	0.023	0.007
<i>Armatimonadota</i>	<i>Fimbriimonadia</i>	0.010	0.010	0.000
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	0.079	0.086	0.025
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	0.119	83.566	78.014
<i>Unclassified_Bacteria</i>		0.496	0.463	0.273
<i>Planctomycetota</i>	<i>Phycisphaerae</i>	0.050	0.076	0.007
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Thermoleophilia</i>	0.074	0.040	0.003
<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Oligoflexia</i>	0.000	0.002	0.000
<i>Myxococcota</i>	<i>Polyangia</i>	0.000	0.002	0.003
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	0.089	0.132	0.013
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Vicinamibacteria</i>	0.035	0.043	0.000
<i>Cyanobacteria</i>	<i>Vampirivibrionia</i>	0.000	0.007	0.003
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Acidimicrobiia</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Myxococcota</i>	<i>Myxococcia</i>	0.015	0.008	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	0.005	0.041	0.003

<i>Spirochaetota</i>	<i>Spirochaetia</i>	0.050	0.063	0.002
<i>Patescibacteria</i>	<i>Parcubacteria</i>	0.010	0.005	0.000
<i>Gemmatimonadota</i>	<i>Gemmatimonadetes</i>	0.020	0.030	0.000
<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Bdellovibrionia</i>	0.015	0.010	0.000
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	0.025	0.084	0.012
<i>FCPU426</i>	<i>FCPU426</i>	0.089	0.056	0.015
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	0.084	0.081	0.021
<i>Bacteroidota</i>	<i>Ignavibacteria</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Negativicutes</i>	0.000	0.003	0.003

Table S2. Relative abundance of the bacterial genera associated with the *G. clandestina* seed microbiome *belonging* to G1 and G2 (T and C) seed. Taxa occurring at >0.1% are highlighted in bold.

Taxonomic Level			Relative Abundance (%)		
Phylum	Class	Order / Family / Genus	G1 Seed	G2 Seed (T)	G2 Seed (C)
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Paenibacillus</i>	0.119	71.288	73.679
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Massilia</i>	58.497	0.017	0.013
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Pseudomonas</i>	30.372	0.364	14.831
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Cohnella</i>	0.000	9.342	3.193
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Pantoea</i>	0.174	4.468	3.937
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Uliginosibacterium</i>	2.133	3.257	0.522
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Bacillus</i>	0.000	2.889	1.126
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Comamonadaceae</i> (F)	1.533	1.144	0.208
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Nocardioides</i>	0.035	0.005	1.186
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Curtobacterium</i>	1.086	0.003	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Streptomyces</i>	0.595	0.873	0.104
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia</i>	0.357	0.832	0.103
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Sphingomonas</i>	0.809	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Rhodanobacter</i>	0.486	0.678	0.094
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Hymenobacter</i>	0.585	0.000	0.000
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Uncultured Pedosphaerales</i>	0.283	0.501	0.086
<i>Unclassified__Bacteria</i>			0.496	0.463	0.273
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Asticcacaulis</i>	0.313	0.270	0.031
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Micropepsales</i>	0.134	0.215	0.036
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Actinoplanes</i>	0.104	0.179	0.033

<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Devosia</i>	0.089	0.175	0.017
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Pseudolabrys</i>	0.020	0.155	0.012
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Enterobacterales</i> (O)	0.045	0.137	0.031
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Hephaestia</i>	0.025	0.136	0.012
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Mucilaginibacter</i>	0.094	0.114	0.017
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Thauera</i>	0.010	0.103	0.012
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Xanthobacteraceae</i> (F)	0.055	0.099	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Dongia</i>	0.035	0.094	0.013
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Chujaibacter</i>	0.030	0.093	0.008
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Bordetella</i>	0.030	0.091	0.020
<i>FCPU426</i>	<i>FCPU426</i>	<i>FCPU426</i> (F)	0.089	0.056	0.015
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Elsterales</i>	0.005	0.088	0.010
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	<i>LWQ8</i> (F)	0.079	0.045	0.005
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Acidibacter</i>	0.055	0.076	0.017
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Hyphomicrobium</i>	0.060	0.071	0.005
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	<i>Uncultured Ktedonobacterales</i>	0.064	0.068	0.018
<i>Planctomycetota</i>	<i>Phycisphaerae</i>	<i>CPla-3_termite_group</i>	0.050	0.064	0.007
<i>Spirochaetota</i>	<i>Spirochaetia</i>	<i>Spirochaeta_2</i>	0.050	0.063	0.002
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Opitutus</i>	0.020	0.063	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Methylobacterium-Methylorubrum</i>	0.055	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Rhodospirillales</i>	0.055	0.008	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>TRA3-20</i> (F)	0.055	0.013	0.008
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Uncultured Gemmatales</i>	0.010	0.048	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Oxalobacteraceae</i> (F)	0.040	0.043	0.010
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Vicinamibacteria</i>	<i>Uncultured Vicinamibacterales</i>	0.035	0.043	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Uncultured Chitinophagales</i>	0.015	0.043	0.013
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridium_sensu_stricto_1</i>	0.005	0.041	0.003
<i>Elusimicrobiota</i>	<i>Elusimicrobia</i>	<i>Lineage_IV</i> (F)	0.040	0.023	0.007
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Thermoleophilia</i>	<i>67-14</i> (F)	0.040	0.005	0.000

<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Uncultured Cytophagales</i>	0.000	0.040	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Thermoleophilia</i>	<i>Uncultured Gaiellales</i>	0.035	0.018	0.003
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Bryobacter</i>	0.035	0.012	0.010
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Phenylobacterium</i>	0.020	0.033	0.010
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	<i>Saccharimonadales (O)</i>	0.000	0.033	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Mesorhizobium</i>	0.010	0.031	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Bradyrhizobium</i>	0.030	0.018	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	<i>Saccharimonadales</i>	0.010	0.030	0.008
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Azospirillum</i>	0.010	0.028	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Novosphingobium</i>	0.000	0.028	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>MND1</i>	0.010	0.026	0.003
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Rothia</i>	0.005	0.026	0.012
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Sphingomonadaceae (F)</i>	0.025	0.017	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>KF-JG30-C25 (F)</i>	0.025	0.015	0.010
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Subgroup_13</i>	0.025	0.005	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Microbacterium</i>	0.025	0.002	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>env.OPS_17 (F)</i>	0.025	0.023	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Caulobacteraceae (F)</i>	0.015	0.025	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Dokdonella</i>	0.000	0.025	0.002
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Taibaiella</i>	0.000	0.025	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Rhodospirillales</i>	0.000	0.025	0.000
<i>Gemmatimonadota</i>	<i>Gemmatimonadetes</i>	<i>Gemmatimonas</i>	0.000	0.025	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	<i>WWH38 (F)</i>	0.000	0.025	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Acidothermus</i>	0.005	0.021	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>SC-I-84 (F)</i>	0.000	0.021	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Enterobacteriaceae (F)</i>	0.000	0.002	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Micropepsis</i>	0.020	0.000	0.002
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Cellulomonas</i>	0.020	0.013	0.002
<i>Gemmatimonadota</i>	<i>Gemmatimonadetes</i>	<i>Uncultured Gemmatimonadales</i>	0.020	0.005	0.000

<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Parvibaculum</i>	0.020	0.000	0.003
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Pullulanibacillus</i>	0.000	0.020	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Sphingobacteriaceae</i> (F)	0.000	0.020	0.005
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Steroidobacter</i>	0.010	0.018	0.013
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Bacillales</i> (O)	0.000	0.018	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Wandonia</i>	0.015	0.017	0.005
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Occallatibacter</i>	0.005	0.017	0.002
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Uncultured Opitutales</i>	0.005	0.017	0.005
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>D05-2</i> (F)	0.000	0.017	0.002
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Thermoleophilia</i>	<i>Conexibacter</i>	0.000	0.017	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>		0.015	0.008	0.003
<i>Myxococcota</i>	<i>Myxococcia</i>	<i>Anaeromyxobacter</i>	0.015	0.008	0.000
<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Bdellovibrionia</i>	<i>Bdellovibrio</i>	0.015	0.010	0.000
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Uncultured Pirellulales</i>	0.015	0.010	0.010
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Parafrigoribacterium</i>	0.005	0.015	0.000
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Acidobacteriaceae_(Subgroup_1)</i> (F)	0.005	0.015	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>JG36-TzT-191</i> (F)	0.000	0.015	0.000
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Aquisphaera</i>	0.000	0.015	0.000
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Subgroup_2</i>	0.010	0.013	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Acetobacterales</i>	0.000	0.013	0.003
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Arachidicoccus</i>	0.000	0.013	0.013
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Micropepsaceae</i> (F)	0.000	0.013	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Castellaniella</i>	0.000	0.008	0.013
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Cutibacterium</i>	0.010	0.012	0.005
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Acetobacteraceae</i> (F)	0.000	0.012	0.000
<i>Planctomycetota</i>	<i>Phycisphaerae</i>	<i>WD2101_soil_group</i>	0.000	0.012	0.000
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Uncultured Planctomycetales</i>	0.000	0.012	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Devosiaceae</i> (F)	0.000	0.012	0.003
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Uncultured Acidobacteriales</i>	0.000	0.012	0.005

<i>Armatimonadota</i>	<i>Fimbriimonadia</i>	<i>Fimbriimonadaceae</i>	0.010	0.010	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Candidatus_Finniella</i>	0.010	0.000	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Parcubacteria</i>	<i>Candidatus_Nomurabacteria</i>	0.010	0.005	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Rhizomicrobium</i>	0.010	0.008	0.002
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Candidatus_Udaeobacter</i>	0.010	0.002	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Yersiniaceae</i> (F)	0.010	0.000	0.002
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	<i>FCPS473</i>	0.010	0.003	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Escherichia-Shigella</i>	0.010	0.005	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Puia</i>	0.000	0.008	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>		0.000	0.000	0.008
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Sporocytophaga</i>	0.000	0.008	0.002
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	<i>JG30-KF-AS9</i> (F)	0.000	0.008	0.000
<i>Cyanobacteria</i>	<i>Vampirivibrionia</i>	<i>Obscuribacteraceae</i>	0.000	0.007	0.003
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Cytophagales</i> (O)	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Acinetobacter</i>	0.000	0.007	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Sandaracinobacter</i>	0.000	0.005	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Gammaproteobacteria</i>	0.000	0.007	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Ammoniphilus</i>	0.000	0.007	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Candidimonas</i>	0.005	0.003	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Dyella</i>	0.005	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Methylovirgula</i>	0.005	0.005	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Alphaproteobacteria</i>	0.005	0.003	0.000
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Ellin516</i>	0.005	0.000	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	<i>C0119</i> (F)	0.005	0.002	0.003
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Prosthecobacter</i>	0.005	0.000	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	<i>Ktedonobacteraceae</i> (F)	0.005	0.000	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Frankiales</i> (O)	0.005	0.000	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Luedemannella</i>	0.005	0.000	0.000
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Acidobacterium</i>	0.000	0.005	0.000

<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Ellin6067</i>	0.000	0.005	0.000
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Lacunisphaera</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Anaerobacillus</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Micavibrionales</i>	0.000	0.003	0.002
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Acidipila</i>	0.000	0.003	0.003
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Acidimicrobiia</i>	<i>IMCC26256 (F)</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Streptococcus</i>	0.000	0.000	0.003
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Staphylococcus</i>	0.000	0.000	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Rhizobiaceae (F)</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Halomonas</i>	0.000	0.003	0.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Methylophilus</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Ignavibacteria</i>	<i>UA-50 (F)</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Negativicutes</i>	<i>Anaerosinus</i>	0.000	0.003	0.003
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Actinospica</i>	0.000	0.003	0.000
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Granulicella</i>	0.000	0.003	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.000	0.002	0.000
<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Oligoflexia</i>	<i>0319-6G20 (F)</i>	0.000	0.002	0.000
<i>Myxococcota</i>	<i>Polyangia</i>	<i>Blrii41 (F)</i>	0.000	0.000	0.002
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Candidatus_Solibacter</i>	0.000	0.002	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Methyloligella</i>	0.000	0.002	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Candidatus_Portiera</i>	0.000	0.000	0.002
<i>Myxococcota</i>	<i>Polyangia</i>	<i>Haliangium</i>	0.000	0.002	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Burkholderiales</i>	0.000	0.000	0.002
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Rhodospirillales</i>	0.000	0.002	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>SWB02</i>	0.000	0.002	0.000
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Opitutaceae (F)</i>	0.000	0.002	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>CWT_CU03-E12 (F)</i>	0.000	0.002	0.000

Table S3. Relative abundance of the bacterial classes associated with the *G. clandestina* microbiome belonging to G1 (T and C) plant organs (root, shoot and leaf) and G2 (T and C) seed. Taxa occurring at >0.1% are highlighted in bold.

Taxonomic Level		Relative Abundance (%)							
Phylum	Class	G2 Seed (T)	G2 Seed (C)	Leaf (T)	Leaf (C)	Shoot (T)	Shoot (C)	Root (T)	Root (C)
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	1.690	0.263	1.493	5.349	1.924	4.124	22.661	16.276
<i>Unidentified__Bacteria</i>		0.448	0.341	1.948	4.818	5.849	9.279	0.441	0.164
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	11.204	19.743	92.833	83.270	84.742	74.673	48.521	58.589
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	1.204	1.320	1.337	1.483	2.180	3.797	4.693	2.986
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	0.642	0.128	0.747	1.030	0.962	1.699	6.172	4.636
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	83.385	77.972	0.555	1.569	2.257	2.460	0.164	0.384
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	0.339	0.052	0.327	0.656	0.349	0.647	3.875	2.467
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	0.111	0.005	0.028	0.118	0.101	0.348	0.476	0.334
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	0.187	0.031	0.078	0.643	0.535	0.505	2.510	1.379
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	0.097	0.024	0.128	0.171	0.202	0.292	1.920	1.977
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	0.083	0.017	0.085	0.138	0.132	0.334	1.479	0.206
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Thermoleophilia</i>	0.085	0.021	0.050	0.105	0.178	0.235	0.960	0.533
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	0.052	0.005	0.014	0.098	0.109	0.178	1.515	5.703
<i>FCPU426</i>	<i>FCPU426</i>	0.066	0.014	0.100	0.072	0.155	0.114	0.292	0.306
<i>Spirochaetota</i>	<i>Spirochaetia</i>	0.071	0.000	0.043	0.026	0.008	0.114	0.171	0.171
<i>Gemmatimonadota</i>	<i>Gemmatimonadetes</i>	0.052	0.000	0.021	0.125	0.000	0.050	0.277	0.228
<i>Planctomycetota</i>	<i>Phycisphaerae</i>	0.111	0.007	0.007	0.092	0.031	0.078	0.228	0.135

<i>Elusimicrobiota</i>	<i>Elusimicrobia</i>	0.017	0.009	0.092	0.000	0.016	0.085	0.412	0.299
<i>Armatimonadota</i>	<i>Fimbriimonadia</i>	0.007	0.002	0.007	0.020	0.016	0.021	0.107	0.128
<i>Cyanobacteria</i>	<i>Vampirivibrionia</i>	0.014	0.012	0.007	0.046	0.039	0.014	0.149	0.185
<i>Firmicutes</i>	<i>Negativicutes</i>	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000	0.036	1.763	0.284
<i>Desulfobacterota</i>	<i>Desulfuromonadia</i>	0.000	0.005	0.000	0.033	0.000	0.021	0.235	0.867
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Vicinamibacteria</i>	0.036	0.000	0.021	0.020	0.008	0.057	0.142	0.064
<i>Dependentiae</i>	<i>Babeliae</i>	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.121	0.028
<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Bdellovibrionia</i>	0.014	0.005	0.000	0.000	0.016	0.014	0.149	0.085
<i>Campilobacterota</i>	<i>Campylobacteria</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.455
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Acidimicrobiia</i>	0.007	0.000	0.000	0.026	0.031	0.064	0.064	0.128
<i>Firmicutes</i>	<i>Desulfitobacteriia</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.016	0.014	0.021	0.739
<i>Deinococcota</i>	<i>Deinococci</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.054	0.327	0.000	0.000
<i>Cyanobacteria</i>	<i>Cyanobacteriia</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.263	0.000	0.000
<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Oligoflexia</i>	0.009	0.000	0.000	0.007	0.000	0.007	0.021	0.014
<i>Armatimonadota</i>	<i>Armatimonadia</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.014
<i>Chloroflexi</i>	<i>Unidentified__Chloroflexi</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.007	0.000	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Chloroflexia</i>	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.057
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Lentisphaeria</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Dehalococcoidia</i>	0.002	0.005	0.000	0.007	0.000	0.007	0.007	0.000
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Chlamydiae</i>	0.005	0.000	0.000	0.007	0.008	0.000	0.092	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Unidentified__Proteobacteria</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.021
<i>Myxococcota</i>	<i>Polyangia</i>	0.000	0.007	0.014	0.007	0.023	0.014	0.028	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Kd4-96</i>	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.057	0.028
<i>Firmicutes</i>	<i>Sulfobacillia</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.008	0.000	0.000	0.028
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Omnitrophia</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Chloroflexi</i>	<i>Tk10</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000
<i>WPS-2</i>	<i>Wps-2</i>	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.064	0.021
<i>Myxococcota</i>	<i>Myxococcia</i>	0.012	0.007	0.000	0.007	0.039	0.014	0.028	0.007

<i>Abditibacteriota</i>	<i>Abditibacteria</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014
<i>Patescibacteria</i>	<i>Parcubacteria</i>	0.009	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.014	0.021
<i>Chloroflexi</i>	<i>Jg30-Kf-Cm66</i>	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Firmicutes</i>	<i>Unidentified__Firmicutes</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.064	0.014	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Thermaerobacteria</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000
<i>Cyanobacteria</i>	<i>Sericytochromatia</i>	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	0.000	0.021	0.007
<i>Firmicutes</i>	<i>Desulfotomaculia</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Thermoanaerobacteria</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>RCP2-54</i>	<i>Rcp2-54</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Olb14</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.028	0.007
<i>Bacteroidota</i>	<i>Ignavibacteria</i>	0.009	0.000	0.000	0.013	0.000	0.014	0.000	0.000
<i>Desulfobacterota</i>	<i>Uncultured</i>	0.005	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Table S4. Relative abundance of the bacterial genera associated with the *G. clandestina* belonging to G1 (T and C) plant organs (root, shoot, leaf and G2 seed. Taxa occurring at >0.1% are highlighted in bold.

Taxonomic Level			Relative Abundance							
Phylum	Class	Order / Family / Genus	G2 Seed (T)	G2 Seed (C)	Leaf (T)	Leaf (C)	Shoot (T)	Shoot (C)	Root (T)	Root (C)
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.009	0.000	0.014	0.007	0.023	0.014	0.078	0.007
<i>Unclassified__Bacteria</i>			0.448	0.341	1.948	4.818	5.849	9.279	0.441	0.164
<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Oligoflexia</i>	<i>Silvanigrella</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Bordetella</i>	0.085	0.005	0.064	0.236	0.109	0.235	1.493	4.721
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Uncultured Pirellulaceae</i>	0.012	0.005	0.000	0.026	0.085	0.028	0.220	0.107
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Nocardioideae</i>	0.007	1.152	0.014	0.020	0.070	0.242	0.299	0.213
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>		1.026	0.213	1.031	1.496	1.582	2.517	5.454	8.099
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Elsterales</i>	0.073	0.012	0.121	0.158	0.062	0.142	1.166	0.832
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Vicinamibacteria</i>		0.002	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Pantoea</i>	4.354	3.771	13.147	18.259	25.861	24.353	0.562	1.308
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Rhodospirillales</i>	0.007	0.005	0.007	0.020	0.054	0.064	0.604	0.306
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Acidothermus</i>	0.026	0.000	0.000	0.046	0.016	0.043	0.825	0.853
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Parafrigoribacterium</i>	0.007	0.000	0.021	0.007	0.000	0.014	0.036	0.014
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Uncultured Pedosphaeraceae</i>	0.533	0.109	0.512	0.886	0.931	1.315	5.468	3.989
<i>Planctomycetota</i>	<i>Phycisphaerae</i>	<i>Uncultured Phycisphaeraceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Ruminiclostridium</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.036
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Uncultured Frankiales</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.043	0.028

<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Uncultured Acidobacteriaceae_(Subgroup_1)</i>	0.026	0.000	0.021	0.007	0.000	0.021	0.178	0.270
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Candidimonas</i>	0.002	0.000	0.028	0.033	0.000	0.007	0.036	0.092
<i>Dependentiae</i>	<i>Babeliae</i>	<i>Vermiphilaceae (F)</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.064	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Nevskia</i>	0.000	0.000	0.000	0.026	0.016	0.021	0.000	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>SM2D12 (F)</i>	0.000	0.005	0.000	0.020	0.000	0.050	0.036	0.021
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Bryobacter</i>	0.012	0.000	0.007	0.026	0.016	0.036	0.263	0.270
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Acidipila</i>	0.014	0.007	0.021	0.053	0.054	0.036	0.334	0.356
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Schlesneria</i>	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Alphaproteobacteria</i>	0.007	0.007	0.007	0.007	0.023	0.000	0.114	0.128
<i>Armatimonadota</i>	<i>Armatimonadia</i>	<i>Armatimonadales (O)</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.014
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Actinomadura</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	<i>JG30-KF-AS9 (F)</i>	0.014	0.000	0.000	0.033	0.016	0.057	0.220	0.050
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.017	0.002	0.028	0.013	0.031	0.000	0.164	0.192
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Micropepsis</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.092	0.050
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Mucilaginibacter</i>	0.111	0.012	0.092	0.112	0.155	0.149	1.834	1.003
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Magnetospirillaceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.036	0.036
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Uncultured Gemmataceae</i>	0.059	0.000	0.000	0.053	0.000	0.135	0.100	0.064
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia</i>	0.808	0.130	0.576	1.818	1.039	2.112	13.346	25.092
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Paludisphaera</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014
<i>Campilobacterota</i>	<i>Campylobacteria</i>	<i>Sulfuricurvum</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.420
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Pseudonocardia</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Planctomycetota</i>	<i>Phycisphaerae</i>	<i>WD2101_soil_group (F)</i>	0.021	0.005	0.000	0.053	0.008	0.050	0.135	0.092
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Aquicella</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.071	0.007
<i>Deinococcota</i>	<i>Deinococci</i>	<i>Truepera</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.178	0.000	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>		0.069	0.002	0.007	0.026	0.039	0.021	0.185	0.121

[illegible]

<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.026	0.002	0.021	0.020	0.047	0.043	0.078	0.071
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Micropepsaceae</i>	0.258	0.043	0.128	0.308	0.209	0.427	3.065	2.887
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Pseudomonas</i>	0.389	14.778	1.557	3.977	3.529	9.549	0.647	0.391
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>		0.000	0.000	0.000	0.007	0.116	0.014	0.142	0.078
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Rothia</i>	0.007	0.005	0.092	0.020	0.256	0.277	0.000	0.007
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Lachnospirae</i>	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.128
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Methylovirgula</i>	0.009	0.000	0.007	0.000	0.000	0.050	0.270	0.156
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Oxalophagus</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Thermomonas</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Streptococcus</i>	0.000	0.000	0.000	0.072	0.000	0.014	0.000	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	<i>Saccharimonadales (O)</i>	0.026	0.007	0.000	0.026	0.357	0.000	0.491	0.299
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Cellulomonas</i>	0.007	0.000	0.064	0.026	0.062	0.085	0.263	0.085
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Acidibacter</i>	0.088	0.007	0.085	0.151	0.217	0.171	1.756	1.578
<i>Gemmatimonadota</i>	<i>Gemmatimonadetes</i>	<i>Uncultured Gemmatimonadaceae</i>	0.012	0.000	0.000	0.053	0.000	0.014	0.043	0.050
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Hymenobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.092	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Novosphingobium</i>	0.026	0.000	0.000	0.020	0.209	0.050	0.078	0.142
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Aquisphaera</i>	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.071
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Subgroup_13 (F)</i>	0.005	0.002	0.000	0.007	0.016	0.014	0.043	0.021
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Haoranjiana</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Steroidobacter</i>	0.012	0.002	0.028	0.026	0.008	0.092	0.028	0.021
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	<i>Uncultured Ktedonobacteraceae</i>	0.062	0.009	0.043	0.046	0.054	0.228	0.981	0.114
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Dyella</i>	0.000	0.002	0.000	0.020	0.000	0.007	0.220	0.213
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>		0.005	0.017	3.057	2.855	2.187	1.273	0.050	0.228
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Occallatibacter</i>	0.009	0.007	0.064	0.066	0.023	0.128	0.498	0.484

<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Oligoflexia</i>	0319-6G20 (F)	0.009	0.000	0.000	0.007	0.000	0.007	0.014	0.014
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>	<i>Acidobacterium</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.050
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	KF-JG30-C25 (F)	0.019	0.017	0.014	0.033	0.039	0.064	0.448	0.391
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	SC-I-84 (F)	0.007	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.071	0.014
<i>Chloroflexi</i>	<i>Dehalococcoidia</i>	S085 (F)	0.002	0.005	0.000	0.007	0.000	0.007	0.007	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Anaerobacillus</i>	0.002	0.000	0.014	0.007	0.000	0.014	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Defluviicoccus</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Asticcacaulis</i>	0.308	0.038	0.270	0.545	0.271	0.484	2.119	1.977
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Methylobacterium-Methylobacterium</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.036	0.000	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Acidocella</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.284
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Chlamydiae</i>	cvE6 (F)	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Candidatus_Finniella</i>	0.000	0.002	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>	B10-SB3A (F)	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.005	0.005	0.014	0.000	0.039	0.064	0.725	0.277
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Puia</i>	0.009	0.002	0.000	0.007	0.000	0.000	0.092	0.014
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>		0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.057
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Hephaestia</i>	0.135	0.009	0.078	0.144	0.109	0.128	0.995	0.853
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Aeromonas</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Paenibacillus</i>	71.101	73.590	0.434	0.991	1.730	1.052	0.014	0.050
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	WWH38 (F)	0.043	0.005	0.014	0.144	0.062	0.178	0.306	0.107
<i>Proteobacteria</i>			0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Sphingomonas</i>	0.002	0.000	0.028	0.066	0.178	0.149	0.213	0.092
<i>Gemmatimonadota</i>	<i>Gemmatimonadetes</i>	<i>Gemmatimonas</i>	0.038	0.000	0.021	0.039	0.000	0.028	0.213	0.178
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Thermoleophilia</i>	67-14 (F)	0.028	0.002	0.028	0.000	0.000	0.071	0.256	0.121

[illegible]

<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>		0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.014
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Coxiella</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Zavarziniales</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridium_sensu_stricto_8</i>	0.000	0.000	0.000	0.013	0.000	0.000	0.000	0.014
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Uncultured</i>	0.064	0.014	0.036	0.131	0.023	0.064	0.341	0.292
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Telmatospirillum</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.014
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>TRA3-20 (F)</i>	0.014	0.005	0.000	0.000	0.000	0.078	0.356	0.327
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Acidimicrobiia</i>	<i>Uncultured Acidimicrobiia</i>	0.002	0.000	0.000	0.007	0.000	0.014	0.007	0.036
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Xanthobacteraceae (F)</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Pedobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Niastella</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000
<i>Spirochaetota</i>	<i>Spirochaetia</i>	<i>Spirochaeta</i>	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.057	0.014	0.043
<i>Dependentiae</i>	<i>Babeliae</i>		0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.007
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Fonticella</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.021	0.064
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Mycobacterium</i>	0.005	0.002	0.050	0.000	0.054	0.085	0.114	0.142
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>		0.021	0.000	0.007	0.007	0.054	0.014	0.085	0.220
<i>Acidobacteriota</i>	<i>Acidobacteriae</i>		0.012	0.000	0.000	0.000	0.047	0.007	0.185	0.199
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Lactobacillus</i>	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.014	0.000	0.014
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Delftia</i>	0.000	0.000	0.028	0.013	0.000	0.007	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>		0.130	0.052	68.757	45.760	42.809	24.801	0.007	0.547
<i>Cyanobacteria</i>	<i>Vampirivibrionia</i>	<i>Vampirovibrionaceae (F)</i>	0.005	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>37-13 (F)</i>	0.002	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>NRL2 (F)</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Sporocytophaga</i>	0.012	0.000	0.000	0.007	0.023	0.014	0.021	0.021

<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>		0.000	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>		0.000	0.000	0.000	0.000	0.047	0.000	0.036	0.036
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Caulobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.370	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Methyloiligellaceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Methyloiligella</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.007	0.050	0.107
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Bacteroides</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.263
<i>Bdellovibrionota</i>	<i>Bdellovibrionia</i>	<i>OM27_clade</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Azotobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.107
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Dongia</i>	0.119	0.007	0.071	0.085	0.000	0.213	0.910	0.675
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Candidatus_Portiera</i>	0.000	0.002	0.007	2.179	0.062	0.476	0.000	0.000
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Chlamydiae</i>	<i>Uncultured Simkaniaceae</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.064	0.007
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Corynebacterium</i>	0.000	0.000	0.000	0.013	0.023	0.050	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Desulfitobacteriia</i>	<i>Desulfosporosinus</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.016	0.014	0.021	0.739
<i>Myxococcota</i>	<i>Polyangia</i>		0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Dysgonomonas</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Diplorickettsiaceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.021	0.028	0.036
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Flexivirga</i>	0.005	0.000	0.000	0.013	0.000	0.014	0.021	0.021
<i>WPS-2</i>	<i>WPS-2</i>	<i>WPS-2 (F)</i>	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.064	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Noviherbaspirillum</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.107
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Thiomonas</i>	0.002	0.000	0.000	0.007	0.000	0.007	0.100	1.301
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>		0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.007	0.142	0.135
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Uliginosibacterium</i>	3.190	0.543	2.830	3.925	2.909	5.624	10.438	6.662
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>		0.009	0.002	0.092	0.072	0.016	0.050	0.135	0.228
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.021	0.000	0.014	0.000	0.000	0.078	0.057	0.064

<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Kiloniellaceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Buchnera</i>	0.000	0.000	0.043	0.532	2.699	0.256	0.000	0.000
<i>Planctomycetota</i>	<i>Phycisphaerae</i>	<i>I-8</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Afipia</i>	0.000	0.000	0.000	0.072	0.023	0.000	0.178	0.071
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>D05-2 (F)</i>	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.156	0.092
<i>Myxococcota</i>	<i>Myxococcia</i>	<i>Anaeromyxobacter</i>	0.012	0.007	0.000	0.007	0.016	0.014	0.007	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridium_sensu_stricto_9</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.021	0.028	0.164
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Acinetobacter</i>	0.009	0.000	0.021	0.020	0.023	0.092	0.000	0.000
<i>Desulfobacterota</i>	<i>Desulfuromonadia</i>	<i>Citri fermentans</i>	0.000	0.005	0.000	0.000	0.000	0.007	0.100	0.540
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Mobilitalea</i>	0.000	0.000	0.000	0.013	0.016	0.007	0.000	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	<i>Saccharimonadaceae (F)</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Cohnella</i>	9.118	3.197	0.014	0.000	0.008	0.000	0.000	0.000
<i>Abditibacteriota</i>	<i>Abditibacteria</i>	<i>Abditibacterium</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Curtobacterium</i>	0.005	0.000	0.021	0.000	0.070	0.149	0.007	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridium_sensu_stricto_1</i>	0.047	0.002	0.014	0.053	0.031	0.092	0.939	4.060
<i>Patescibacteria</i>	<i>Parcubacteria</i>	<i>Parcubacteria (C)</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Negativicutes</i>	<i>Sporomusa</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.007
<i>Myxococcota</i>	<i>Polyangia</i>	<i>Haliangium</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.007	0.014	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Arthrobacter</i>	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Negativicutes</i>	<i>Uncultured Sporomusaceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Altererythrobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.007
<i>Spirochaetota</i>	<i>Spirochaetia</i>	<i>Spirochaeta_2</i>	0.062	0.000	0.043	0.026	0.008	0.057	0.156	0.121
<i>Patescibacteria</i>	<i>Parcubacteria</i>	<i>Candidatus_Nomurabacteria (F)</i>	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Mizugakiibacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.007
<i>Chloroflexi</i>	<i>JG30-KF-CM66</i>	<i>JG30-KF-CM66 (F)</i>	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Actinospica</i>	0.005	0.000	0.028	0.013	0.054	0.036	0.199	0.178

<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Humibacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.013	0.000	0.000	0.057	0.092
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>		0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.185	0.007	0.014
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Inquilinus</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.064	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Rhodanobacteraceae (F)</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Geobacillus</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>MM2</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.476	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Herbinix</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Firmicutes</i>			0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.064	0.014	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Lachnoclostridium</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.085	0.164
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Rhodopseudomonas</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.078	0.021
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Spirosoma</i>	0.000	0.000	0.000	0.072	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Uncultured Microscillaceae</i>	0.040	0.002	0.007	0.066	0.054	0.021	0.306	0.206
<i>Myxococcota</i>	<i>Myxococcia</i>		0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.007	0.000
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Singulisphaera</i>	0.014	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.021
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>		0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Anaerovorax</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.014	0.263
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Rhizomicrobium</i>	0.017	0.000	0.000	0.020	0.000	0.021	0.071	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>[Polyangium]_brachysporum_group</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Pir4_lineage</i>	0.000	0.000	0.014	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>NS9_marine_group</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Dokdonella</i>	0.017	0.000	0.014	0.000	0.016	0.021	0.036	0.028
<i>Myxococcota</i>	<i>Polyangia</i>	<i>Pajaroellobacter</i>	0.000	0.000	0.014	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000
<i>Myxococcota</i>	<i>Myxococcia</i>	<i>P3OB-42</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Rickettsiaceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.007	0.028
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Candidatus_Udaeobacter</i>	0.000	0.000	0.014	0.007	0.000	0.014	0.021	0.000

<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium</i>	0.002	0.000	0.014	0.046	0.016	0.071	3.342	0.505
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Uncultured Chitinophagales</i>	0.000	0.000	0.000	0.013	0.047	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Wolbachia</i>	0.000	0.000	0.028	2.363	0.000	0.135	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>		0.000	0.000	0.448	0.085	0.000	0.192	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Caproiciproducens</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Fluviicola</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>		0.069	0.017	0.014	0.269	0.155	0.256	1.387	1.877
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>		0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>		0.019	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.064	0.028
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Chlamydiae</i>		0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Desulfobacterota</i>	<i>Desulfuromonadia</i>		0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.014	0.135	0.327
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Uncultured Opitutaceae</i>	0.019	0.007	0.007	0.046	0.016	0.156	0.220	0.192
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Neisseriaceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.007	0.000	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>		0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridium_sensu_stricto_12</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.057
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Uncultured Isosphaeraceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Taibaiella</i>	0.014	0.000	0.000	0.046	0.000	0.021	0.100	0.085
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Mesorhizobium</i>	0.024	0.002	0.007	0.007	0.000	0.014	0.121	0.036
<i>Cyanobacteria</i>	<i>Vampirivibrionia</i>	<i>Vampirovibrionales (O)</i>	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>CCD24 (F)</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Siphonobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.043	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Magnetospiraceae</i>	0.021	0.000	0.028	0.079	0.000	0.000	0.036	0.028
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>CHAB-XI-27 (F)</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>SWB02</i>	0.002	0.002	0.000	0.020	0.000	0.000	0.071	0.000

<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Microbacterium</i>	0.000	0.002	0.000	0.000	0.240	0.007	0.000	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Frankia</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	<i>TM7</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Pseudaminobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.036
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Azospirillum</i>	0.007	0.005	0.007	0.026	0.008	0.078	0.448	0.007
<i>Planctomycetota</i>	<i>Planctomycetes</i>	<i>Uncultured Planctomycetales</i>	0.007	0.000	0.014	0.007	0.000	0.000	0.085	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Rhodoplanes</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Cutibacterium</i>	0.014	0.002	0.107	0.092	0.349	0.462	0.000	0.021
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Parvibaculum</i>	0.007	0.002	0.000	0.053	0.000	0.007	0.114	0.164
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Nitrospirillum</i>	0.000	0.000	0.036	0.190	0.000	0.028	0.000	0.156
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>		0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Sandaracinobacter</i>	0.002	0.002	0.000	0.013	0.000	0.028	0.071	0.057
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Staphylococcus</i>	0.000	0.002	0.064	0.112	0.093	0.228	0.000	0.036
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured</i>	0.000	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>		0.017	0.005	0.000	0.033	0.000	0.050	0.235	0.256
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>WD260 (F)</i>	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oxobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>AB1 (F)</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Chloroflexi</i>	<i>Ktedonobacteria</i>		0.000	0.000	0.043	0.000	0.023	0.036	0.149	0.028
<i>Cyanobacteria</i>	<i>Cyanobacteriia</i>	<i>Uncultured Chroococcidiopsaceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.263	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Ammoniphilus</i>	0.031	0.000	0.000	0.007	0.039	0.014	0.021	0.028
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Halomonas</i>	0.007	0.005	0.007	0.007	0.000	0.057	0.007	0.007
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Luteimonas</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Gammaproteobacteria</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Chryseobacterium</i>	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000

<i>Firmicutes</i>	<i>Thermoanaerobacteri</i> <i>a</i>	<i>Thermoanaerobacterium</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Aestuariimicrobium</i>	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteri</i> <i>a</i>	<i>Methylophilus</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.626	0.533
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Uncultured Paracaedibacteraceae</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007
<i>RCP2-54</i>	<i>RCP2-54</i>	<i>RCP2-54 (F)</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Prostheco bacter</i>	0.000	0.007	0.043	0.000	0.000	0.000	0.050	0.100
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Flavisolibacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>		0.000	0.000	0.050	0.007	0.000	0.014	0.100	0.043
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Chthonobacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Alphaproteobacteria</i>	<i>Acidisoma</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.050
<i>Chloroflexi</i>	<i>OLB14</i>	<i>OLB14 (F)</i>	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.028	0.007
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Geodermatophilus</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.014	0.014
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteri</i> <i>a</i>	<i>Curvibacter</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.000
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Verrucomicrobiae</i>	<i>Pedosphaeraceae (F)</i>	0.000	0.000	0.000	0.013	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteri</i> <i>a</i>	<i>Herbaspirillum</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014
<i>Bacteroidota</i>	<i>Ignavibacteria</i>	<i>UA-50 (F)</i>	0.009	0.000	0.000	0.013	0.000	0.014	0.000	0.000
<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridia_UCG-014</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Derma coccus</i>	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteri</i> <i>a</i>	<i>Cupriavidus</i>	0.000	0.000	0.014	0.007	0.031	0.007	0.000	0.000
<i>Proteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteri</i> <i>a</i>	<i>Cellvibrio</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014
<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Lysinibacillus</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000
<i>Actinobacteriota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Lawsonella</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.028	0.000	0.000
<i>Patescibacteria</i>	<i>Saccharimonadia</i>	<i>Candidatus_Saccharimonas</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.114
<i>Firmicutes</i>	<i>Negativicutes</i>	<i>Pelosinus</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.028	0.114

Table S5. *P*-values of the comparison between *G. clandestina* seed samples belonging to G1 and G2 (T and C) seed. Significant differences were determined using the Kruskal Wallis pairwise test using Alpha diversity (Observed features) and are highlighted in bold.

Group 1	Group 2	<i>p</i> -Value
G1 seed	G2 seed (T)	0.220
G1 seed	G2 seed (C)	0.133
G2 seed (T)	G2 seed (C)	0.000

Table S6. *P*-values of the comparison between *G. clandestina* seed samples belonging to G1 and G2 (T and C) seed. Significant differences were determined using the pairwise-ANOSIM test using Beta diversity (Jaccard distance) metrics and are highlighted in bold.

Group 1	Group 2	<i>R</i>	<i>p</i> -Value
G1 seed	G2 seed (T)	0.671559	0.001
G1 seed	G2 seed (C)	0.672733	0.001
G2 seed (T)	G2 seed (C)	0.33925	0.001

Table S7. *P*-values of the comparison between G1 plant organs of *G. clandestina* belonging to root, shoot and leaf and G2 seed grown in two soil treatments (T and C). Significant differences were determined using the Kruskal Wallis pairwise test for Alpha diversity (Observed features) and are highlighted in bold.

Group 1	Group 2	<i>p</i> -Value
Leaf (T)	Leaf (C)	0.192
Leaf (T)	Root (T)	0.000
Leaf (T)	Root (C)	0.000
Leaf (T)	Shoot (T)	0.171
Leaf (T)	Shoot (C)	0.009
Leaf (T)	G2 seed (T)	0.071
Leaf (T)	G2 seed (C)	0.655
Leaf (C)	Root (T)	0.000
Leaf (C)	Root (C)	0.000
Leaf (C)	Shoot (T)	0.954
Leaf (C)	Shoot (C)	0.053
Leaf (C)	G2 seed (T)	0.171
Leaf (C)	G2 seed (C)	0.021
Root (T)	Root (C)	0.954
Root (T)	Shoot (T)	0.000
Root (T)	Shoot (C)	0.000
Root (T)	G2 seed (T)	0.000
Root (T)	G2 seed (C)	0.000
Root (C)	Shoot (T)	0.000
Root (C)	Shoot (C)	0.000
Root (C)	G2 seed (T)	0.000
Root (C)	G2 seed (C)	0.000
Shoot (T)	Shoot (C)	0.021
Shoot (T)	G2 seed (T)	0.326

Shoot (T)	G2 seed (C)	0.154
Shoot (C)	G2 seed (T)	0.010
Shoot (C)	G2 seed (C)	0.000
G2 seed (T)	G2 seed (C)	0.000

Table S8. *P*-values of the comparison between G1 plant organs of *G. clandestina* belonging to root, shoot and leaf and G2 seed grown in two soil treatments (T and C). Significant differences were determined using pairwise-ANOSIM test using Beta diversity (Jaccard distance) metrics and are highlighted in bold.

Group 1	Group 2	<i>R</i>	<i>p</i> -Value
Leaf (T)	Leaf (C)	0.098	0.073
Leaf (T)	Root (T)	0.859	0.001
Leaf (T)	Root (C)	0.864	0.001
Leaf (T)	Shoot (T)	0.059	0.159
Leaf (T)	Shoot (C)	0.243	0.018
Leaf (T)	G2 seed (T)	0.763	0.001
Leaf (T)	G2 seed (C)	0.691	0.001
Leaf (C)	Root (T)	0.713	0.001
Leaf (C)	Root (C)	0.705	0.001
Leaf (C)	Shoot (T)	0.069	0.131
Leaf (C)	Shoot (C)	0.027	0.238
Leaf (C)	G2 seed (T)	0.673	0.001
Leaf (C)	G2 seed (C)	0.727	0.001
Root (T)	Root (C)	0.219	0.008

Root (T)	Shoot (T)	0.840	0.001
Root (T)	Shoot (C)	0.695	0.001
Root (T)	G2 seed (T)	0.990	0.001
Root (T)	G2 seed (C)	0.997	0.001
Root (C)	Shoot (T)	0.846	0.001
Root (C)	Shoot (C)	0.718	0.001
Root (C)	G2 seed (T)	0.988	0.001
Root (C)	G2 seed (C)	0.995	0.001
Shoot (T)	Shoot (C)	0.176	0.057
Shoot (T)	G2 seed (T)	0.786	0.001
Shoot (T)	G2 seed (C)	0.705	0.001
Shoot (C)	G2 seed (T)	0.742	0.001
Shoot (C)	G2 seed (C)	0.779	0.001
G2 seed (T)	G2 seed (C)	0.367	0.001

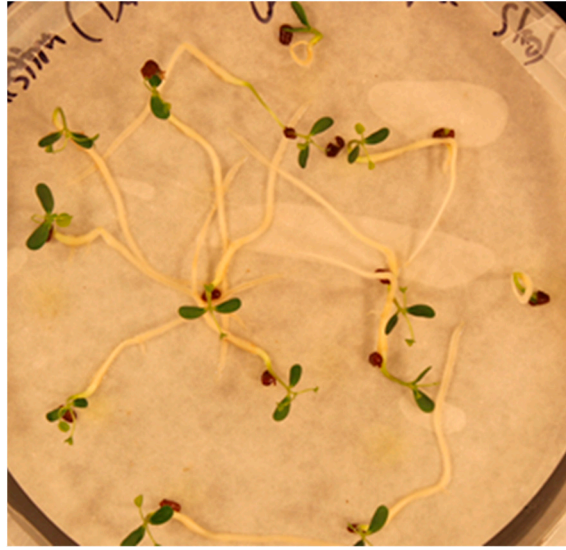


Figure S1. *G. clandestina* seedlings at the unfolded cotyledon growth stage.

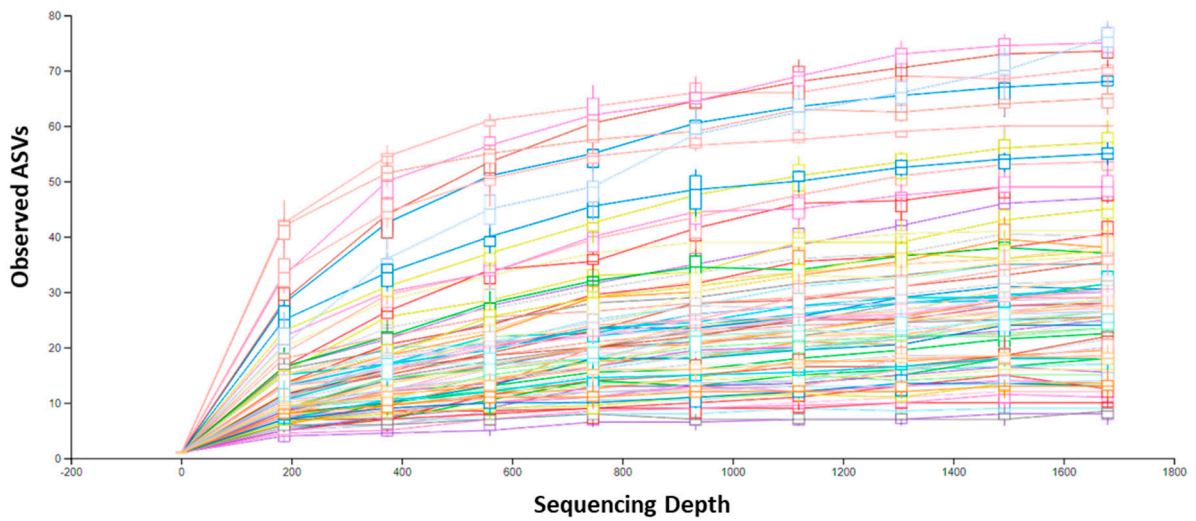


Figure S2. Rarefaction curves showing the number of observed ASVs at a sampling depth of 1680 sequences when data was grouped by soil treatment for microbiome profiling of *G. clandestina* seed. Each coloured line represents one sample.

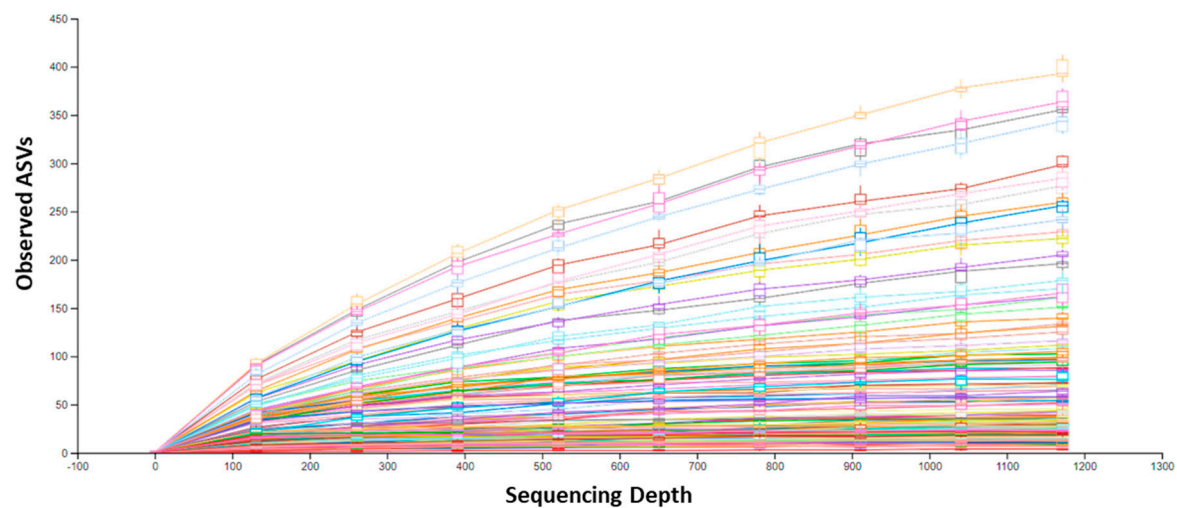


Figure S3. Rarefaction curves showing the number of observed ASVs at a sampling depth of 1172 sequences when data was grouped by soil treatment for microbiome profiling of *G. clandestina* plant organs. Each coloured line represents one sample.