

**Table S4**Rhizosphere bacterial families identified in M1 or M2, and responding to the presence of *P. parasitica* biofilm

		M1R1	M1R2	M1R3	M2R1	M2R2	M2R2	Mean M1	Mean M2	SD M1	SD M2	p value
<b>Proteobacteria</b>	<b>phylum</b>											
Alphaproteobacteria	class											
<i>Rhizobiaceae</i>	family	5,145	3,077	3,906	3,334	2,227	4,087	4,043	3,216	2,193	1,780	0,287
<i>Hyphomicrobiaceae</i>	family	1,229	1,487	1,304	0,634	0,949	0,954	1,340	0,846	0,679	0,449	0,022
<i>Beijerinckiaceae</i>	family	0,023	0,016	0,046	0,016	0,021	0,029	0,028	0,022	0,019	0,012	0,435
<i>Rhizobiales_incertae_sedis</i>	family	0,497	0,407	0,423	0,242	0,277	0,321	0,442	0,280	0,225	0,144	0,075
<i>Bradyrhizobiaceae</i>	family	0,427	0,524	0,704	0,262	0,341	0,397	0,552	0,333	0,299	0,176	0,039
<i>Phyllobacteriaceae</i>	family	0,159	0,208	0,207	0,123	0,102	0,167	0,191	0,131	0,098	0,071	0,115
<i>Rhodobiaceae</i>	family	0,033	0,017	0,043	0,018	0,016	0,026	0,031	0,020	0,019	0,011	0,171
<i>Methylobacteriaceae</i>	family	0,095	0,110	0,193	0,099	0,202	0,123	0,133	0,141	0,079	0,083	0,873
<i>Brucellaceae</i>	family	0,010	0,005	0,021	0,010	0,006	0,011	0,012	0,009	0,009	0,005	0,537
<i>Methylocystaceae</i>	family	0,024	0,030	0,055	0,016	0,037	0,025	0,037	0,026	0,023	0,016	0,423
<i>Xanthobacteraceae</i>	family	0,013	0,006	0,019	0,006	0,004	0,009	0,012	0,006	0,008	0,004	0,112
<i>Aurantimonadaceae</i>	family	0,006	0,002	0,025	0,009	0,002	0,017	0,011	0,010	0,011	0,008	0,786
<i>Bartonellaceae</i>	family	0,001	0,000	0,004	0,001	0,000	0,001	0,002	0,001	0,002	0,001	0,317
<i>Caulobacteraceae</i>	family	4,172	4,745	3,631	4,494	4,656	2,843	4,182	3,997	2,140	2,160	0,625
<i>Sphingomonadaceae</i>	family	8,167	7,145	5,787	3,668	4,229	3,738	7,033	3,878	3,649	1,955	0,048
<i>Erythrobacteraceae</i>	family	0,528	0,284	0,283	0,337	0,301	0,321	0,365	0,320	0,216	0,161	0,598
<i>Rhodospirillaceae</i>	family	0,623	0,734	1,029	0,378	0,814	0,714	0,795	0,635	0,433	0,368	0,318
<i>Acetobacteraceae</i>	family	0,081	0,053	0,066	0,039	0,061	0,062	0,067	0,054	0,035	0,029	0,490
<i>Rickettsiaceae</i>	family	0,268	0,284	0,437	0,166	0,071	0,152	0,330	0,130	0,182	0,077	0,064
<i>Rhodobacterales</i>	order	0,030	0,034	0,037	0,021	0,063	0,028	0,034	0,037	0,017	0,026	0,790
<i>Rhodobacteraceae</i>	family	0,030	0,034	0,037	0,021	0,063	0,028	0,034	0,037	0,017	0,026	0,790
<i>Sneathiellaceae</i>	family	0,024	0,010	0,058	0,021	0,026	0,034	0,031	0,027	0,025	0,014	0,766

		M1R1	M1R2	M1R3	M2R1	M2R2	M2R2	Mean M1	Mean M2	SD M1	SD M2	p value
<b>Proteobacteria</b>	<b>phylum</b>											
Betaproteobacteria	class											
<i>Comamonadaceae</i>	family	0,138	0,176	0,223	0,282	0,292	0,272	0,179	0,282	0,096	0,141	0,067
<i>Burkholderiales_incertae_sedis</i>	family	0,080	0,100	0,100	0,193	0,159	0,259	0,093	0,204	0,048	0,110	0,063
<i>Oxalobacteraceae</i>	family	0,024	0,050	0,064	0,049	0,036	0,174	0,046	0,086	0,028	0,076	0,389
<i>Methylophilaceae</i>	family	0,005	0,015	0,021	0,008	0,004	0,000	0,014	0,004	0,009	0,004	0,309

		M1R1	M1R2	M1R3	M2R1	M2R2	M2R2	Mean M1	Mean M2	SD M1	SD M2	p value
<b>Proteobacteria</b>	<b>phylum</b>											
Gammaproteobacteria	class											
<i>Pseudomonadaceae</i>	family	2,936	4,451	5,243	4,092	3,078	4,024	4,210	3,731	2,312	1,922	0,618
<i>Xanthomonadaceae</i>	family	0,010	0,013	0,015	0,008	0,006	0,011	0,013	0,008	0,007	0,005	0,090
<i>Sinobacteraceae</i>	family	2,358	3,252	5,098	2,770	7,459	3,281	3,569	4,503	2,118	3,079	0,648
<i>Thiotrichaceae</i>	family	0,187	0,336	0,563	0,210	0,235	0,229	0,362	0,225	0,238	0,113	0,318
<i>Enterobacteriaceae</i>	family	0,016	0,010	0,003	0,023	0,011	0,007	0,010	0,014	0,007	0,010	0,173
<i>Chromatiaceae</i>	family	0,045	0,189	0,054	0,093	0,144	0,037	0,096	0,091	0,081	0,063	0,874
<i>Thiotrichales_incertae_sedis</i>	family	0,040	0,179	0,038	0,088	0,140	0,029	0,086	0,086	0,079	0,062	0,999
<i>Alteromonadaceae</i>	family	0,067	0,057	0,147	0,015	0,021	0,017	0,090	0,018	0,061	0,009	0,130
<i>Ectothiorhodospiraceae</i>	family	0,068	0,104	0,054	0,062	0,093	0,019	0,075	0,058	0,043	0,042	0,198
<i>Piscirickettsiaceae</i>	family	0,068	0,104	0,054	0,062	0,093	0,019	0,075	0,058	0,043	0,042	0,198
<i>Coxiellaceae</i>	family	0,010	0,013	0,009	0,006	0,004	0,004	0,010	0,005	0,006	0,003	0,073

		M1R1	M1R2	M1R3	M2R1	M2R2	M2R2	Mean M1	Mean M2	SD M1	SD M2	p value
<b>Proteobacteria</b>	<b>phylum</b>											
Deltaproteobacteria	class											
<i>Polyangiaceae</i>	family	0,021	0,254	0,193	0,052	0,075	0,062	0,156	0,063	0,126	0,033	0,280
<i>Phaselicystidaceae</i>	family	0,007	0,028	0,154	0,005	0,010	0,009	0,063	0,008	0,072	0,005	0,347
<i>Myxococcaceae</i>	family	0,028	0,208	0,213	0,099	0,157	0,050	0,150	0,102	0,114	0,067	0,551
<i>Cystobacteraceae</i>	family	0,024	0,282	0,115	0,060	0,112	0,043	0,140	0,072	0,128	0,046	0,368
<i>Kofleriaceae</i>	family	0,004	0,053	0,046	0,004	0,018	0,008	0,034	0,010	0,028	0,008	0,181
<i>Nannocystaceae</i>	family	0,010	0,026	0,023	0,011	0,023	0,007	0,020	0,014	0,012	0,010	0,385
<i>Bacterivoracaceae</i>	family	0,023	0,145	0,090	0,073	0,172	0,060	0,086	0,102	0,066	0,071	0,568
<i>Bdellovibrionaceae</i>	family	0,003	0,003	0,089	0,000	0,004	0,000	0,032	0,001	0,044	0,002	0,411

		M1R1	M1R2	M1R3	M2R1	M2R2	M2R2	Mean M1	Mean M2	SD M1	SD M2	p value
<b>Bacteroidetes</b>	<b>phylum</b>											
<i>Flavobacteriaceae</i>	family	41,240	26,005	19,071	44,755	34,522	46,201	28,772	41,826	9,213	6,367	0,079
<i>Cryomorphaceae</i>	family	0,728	0,656	0,504	0,367	1,022	0,358	0,630	0,582	0,114	0,381	0,423
<i>Cytophagaceae</i>	family	0,953	0,841	0,813	0,653	0,840	0,778	0,869	0,757	0,074	0,095	0,091
<i>Flammeovirgaceae</i>	family	0,051	0,067	0,057	0,045	0,125	0,032	0,058	0,067	0,008	0,051	0,387
<i>Sphingobacteriaceae</i>	family	0,507	0,716	1,022	0,282	0,500	0,266	0,748	0,350	0,259	0,131	0,038
<i>Chitinophagaceae</i>	family	0,200	0,570	0,307	0,209	0,341	0,176	0,359	0,242	0,190	0,087	0,193
<i>Saprosiraceae</i>	family	0,018	0,032	0,009	0,007	0,009	0,007	0,020	0,007	0,001	0,001	0,067
<i>Cyclobacteriaceae</i>	family	0,013	0,007	0,010	0,009	0,016	0,010	0,010	0,012	0,003	0,004	0,287
<i>Prevotellaceae</i>	family	0,009	0,009	0,002	0,003	0,009	0,007	0,007	0,006	0,004	0,003	0,440