

MICROBIOMA DA RIZOSFERA E PROTEÇÃO DE PLANTAS

Rodrigo Mendes

Laboratório de Microbiologia Ambiental, Embrapa Meio Ambiente, CP 69; 13820-000, Jaguariúna, SP, Brasil. E-mail: rmendes@cnpma.embrapa.br

Os micro-organismos desempenham papel fundamental em muitas funções que sustentam a vida na Terra. Participando ativamente dos ciclos biogeoquímicos, os micro-organismos permitem que os solos realizem ciclagem de nutrientes, inativação de contaminantes, supressão de patógenos de plantas e sirvam de substrato para o cultivo de plantas. Bactérias benéficas ocorrem naturalmente nas comunidades microbianas presentes no solo e são abundantes vivendo nas superfícies das plantas. Em sua associação com as plantas essas bactérias utilizam nutrientes liberados pelos tecidos vegetais e em troca as bactérias estimulam o desenvolvimento das raízes, promovem o crescimento do hospedeiro e protegem as plantas de infecções por patógenos. À medida que as raízes das plantas se desenvolvem no solo, elas são capazes de influenciar a comunidade microbiana por meio da liberação de exsudados, fazendo com que a rizosfera seja caracterizada por uma comunidade microbiana selecionada (DeAngelis, Brodie et al. 2008). No contexto de comunidades microbianas protegendo plantas contra patógenos de solos estão os conhecidos solos supressivos, os quais são ecossistemas excepcionais onde micro-organismos benéficos guardam plantas de patógenos de solos impedindo a infecção e o desenvolvimento da doença (Weller, Raaijmakers et al. 2002). Porém, para a maioria dos solos supressivos às doenças, os micro-organismos e mecanismos envolvidos no controle de patógenos são desconhecidos.

Para identificar os agentes microbianos ativos durante a supressão de doenças no solo, foi usado micro-arranjo de alta densidade de oligonucleotídeos 16S rDNA, chamado de PhyloChip (Hazen, Dubinsky et al. 2010), para acessar a comunidade microbiana de comunidades da rizosfera de beterraba cultivada em solos naturalmente supressivos ao patógeno de solo *Rhizoctonia solani*. A tecnologia do PhyloChip permite a detecção e quantificação de aproximadamente 60 mil unidades taxonômicas operacionais dos domínios Bacteria e Archaea (Hazen, Dubinsky et al. 2010). Com base nos resultados encontrados no estudo metagenômico do microbioma da rizosfera de beterraba cultivada em solos com seis diferentes níveis de supressão à doença, grupos bacterianos específicos foram selecionados para estudos funcionais detalhados. Para identificar genes biosintéticos e vias metabólicas envolvidos no controle do patógeno, foram realizados isolamentos direcionados, bioensaios para atividade antagonista *in vitro*, seguido de mutagênese, construção de bibliotecas, sequenciamento e predições de bioinformática.

A abordagem multifacetada empregada neste estudo (Mendes, Kruijt et al. 2011) revelou que plantas, como humanos, animais e insetos, podem depender de membros específicos da comunidade microbiana para se protegerem de doenças infecciosas. Assim como no microbioma do intestino de humanos (Ley, Hamady et al. 2008), o microbioma da rizosfera mostrou-se ser dominado por quatro filos bacterianos, sendo Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria, e Bacteroidetes, porém em diferentes

frequências e proporções. Adicionalmente, descobriu-se que o nível da supressão da doença contra o patógeno de planta *R. solani* não está associado à riqueza de *taxa* bacteriano, ou seja, pela presença ou ausência de espécies selecionadas, mas é determinado pela abundância relativa de grupos bacterianos específicos.

A análise funcional mostrou que a classe γ -Proteobacteria, e especificamente membros da família Pseudomonadaceae, podem proteger as plantas da infecção fúngica por meio da produção de um lipopeptídeo clorinado putativo que é codificado por genes peptídeo sintetase não ribossomais (NRPS). Juntamente com Pseudomonadaceae, muitos outros *taxa* bacterianos foram identificados como ativos durante a supressão da doença em beterraba (Mendes, Kruijt et al. 2011). Para alguns destes *taxa*, como por exemplo, Burkholderiaceae, Xanthomonadales e Actinobacteria, sabe-se que possuem gêneros e espécies ativos contra fungos fitopatogênicos, como *R. solani*. Esses grupos estão sendo estudados para elucidar seus papéis na proteção de beterraba contra *R. solani*.

Para complementar a busca por outros grupos bacterianos envolvidos na supressão natural de doenças em solos, a abordagem metatranscriptômica está sendo usada para a identificação de genes que são expressos especificamente *in situ* durante a supressão da doença, que por sua vez irá ajudar a selecionar o consórcio microbiano ativo durante a supressão. Esse estudo também irá elucidar os mecanismos fundamentais que regem o desenvolvimento da supressão de doenças. O conhecimento gerado na obtenção destes resultados tem o potencial de ser aplicado na proteção de culturas e revelar inúmeros micro-organismos, genes e antibióticos ainda desconhecidos que habitam a rizosfera e podem ser usados para aplicações biotecnológicas.

Referências

- DeAngelis, K. M., E. L. Brodie, et al. (2008). "Selective progressive response of soil microbial community to wild oat roots." *The ISME Journal* 3(2): 168-178.
- Hazen, T. C., E. A. Dubinsky, et al. (2010). "Deep-Sea Oil Plume Enriches Indigenous Oil-Degrading Bacteria." *Science* 330(6001): 204-208.
- Ley, R. E., M. Hamady, et al. (2008). "Evolution of mammals and their gut microbes." *Science* 320(5883): 1647-1651.
- Mendes, R., M. Kruijt, et al. (2011). "Deciphering the Rhizosphere Microbiome for Disease-Suppressive Bacteria." *Science* 332(6033): 1097-1100.
- Weller, D. M., J. M. Raaijmakers, et al. (2002). "Microbial populations responsible for specific soil suppressiveness to plant pathogens." *Annual Review of Phytopathology* 40(1): 309-348.

Summa Phytopathologica, v. 38 (supplement), February 2012. XXXV Congresso Paulista de Fitopatologia. Jaguariúna, 2012.