Webinarium Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
25 października 2023r.

Funkcje mikrobioty ryzosferowej roślin

Sebastian Wojciech Przemieniecki
sebastian.przemieniecki@uwm.edu.pl

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
Wydział Rolnictwa i Leśnictwa
Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej

Streszczenie

Ryzosfera to strefa otaczająca korzenie złożona głównie z gleby, w której zachodzi oddziaływanie pomiędzy rośliną a mikrobiotą. Mikroorganizmy strefy korzeniowej zazwyczaj wywierają pozytywny wpływ na roślinę, a roślina na nie, niemniej jednak czynniki zewnętrzne mogą zaburzyć ich symbiozę. Ryzosfera jest porównywana do jelit ssaków ponieważ stanowi część systemu ochronnego i wspomagają odżywianie roślin. Najcenniejszą grupą fakultatywnych symbiontów są bakterie oraz mikroeukariota promujące wzrost roślin. Te mikrooganizmy wykazują wiele funkcji np. produkcja sygnałowych fitohormonów i substancji stresowych, sideroforów i enzymów litycznych, udostępnianie uwstecznionych form substancji pokarmowych, wiązanie azotu oraz ochronę przed patogenami roślin. W aspekcie funkcjonowania ekosystemu zasiedlanego przez rośliny, mikroorganizmy ryzosferowe jak i glebowe uczestniczą w cyklu obiegu pierwiastków, co bezpośrednio wypływa na rozwój roślin i jakość środowiska. Dodatki doglebowe tj. nawozy, stymulatory wzrostu, użyźniacze, ale też transmisja zanieczyszczeń może uruchomić kaskadę procesów modyfikujących życie w obrębie ryzosfery. Monitoring ryzobioty po wprowadzeniu dodatkowego czynnika powinien opierać się m.in. na detekcji zmian w zgrupowaniu mikroorganizmów przyczyniających się do strat azotu w obrębie strefy korzeniowej oraz ilości antagonistów oraz patogenów roślin.

Metody analizy ryzobioty są podobne do analizy mikroorganizmów zasiedlających glebę i inne środowiska. Największym problemem zarówno sekwencjonowania jak i qPCR, jest trudność w detekcji tylko żywych mikroorganizmów, co jest ważne w badaniach wpływu dodatków doglebowych. Kolejnym problemem jest wybór platformy i metody sekwencjonowania oraz konieczność posiadania wiedzy dotyczącej obróbki surowych danych i opracowania statystycznego. W przypadku bakterii nadal powszechną metodą jest analiza amplikonów 16S rRNA. W zależności od platformy najczęściej analizowane są fragmenty tego genu. Nowsze rozwiązania umożliwiają sekwencjonowanie całych genów, a nawet natywne sekwencjonowanie genomów istotnie poprawiając rzetelność wyników metagenomowych.

W aspekcie opracowania wyników bardzo ważne jest ustalenie przewidywanych funkcji mikrobioty ryzosferowej. Wyniki sekwencjonowania można porównać z opracowanymi bazami danych. Jedną z takich baz dla bakterii jest „MACADAM formulaire", która jest skonstruowana z wielu już istniejących baz danych. W przypadku grzybów warto zwrócić uwagę na bazę danych FungalTraits, która jest przyjazna dla użytkowników nieposiadających wiedzy bioinformatycznej.