

Wenn das Mikrobiom auf Wurzeln trifft

DOI: 10.1007/s12268-024-2185-y
© Springer-Verlag GmbH 2024

Das Mikrobiom spielt eine große Rolle für das Wachstum oder auch die Widerstandsfähigkeit von Pflanzen. Bei der Besiedlung pflanzlichen Lebensraums bildet eine Vielzahl von Mikroorganismen komplexe Gemeinschaften mit bestimmten Zusammensetzungen und räumlichen Anordnungen. Welche Gene von welchem Mikroorganismus im Zusammenspiel mit dem Wirt reguliert werden, blieb bisher wegen experimenteller Herausforderungen unbekannt.

■ Nathan Vannier *et al.* (Nat Commun (2023) 14:8274) setzten ein künstliches Mikrobiom aus 84 bzw. 22 kultivierbaren Bakterien und Pilzen zusammen, deren Genome sequenziert sind und die repräsentativ für das Wurzelmikrobiom von *Arabidopsis thaliana* sind. Sie inokulierten damit keimfreie *A. thaliana* und zum Vergleich sterile Erde ohne Bepflanzung. Mithilfe der Referenzgenome entschlüsselte das Team die Transkriptome der einzelnen beteiligten Organismen und ermittelte die Metatranskriptome durch phylogenetische

Untersuchungen orthologer Gene. Differenziell regulierte Gene mit Funktionen etwa im Energiehaushalt sind in Transkriptomen individueller Bakterienstämme und auch im Kern-Transkriptom zahlreicher Bakterien überproportional mit einer Wurzelbesiedlung assoziiert. Genetische Deletionen im Mikrobiomstamm Root179, einem *Rhodanobacter*-Bakterium, zeigen, dass Gene für die Phosphataufnahme, ein GTP-Bindeprotein und ein Biopolymer-Transportprotein für eine normale Wurzelbesiedlung wichtig sind.

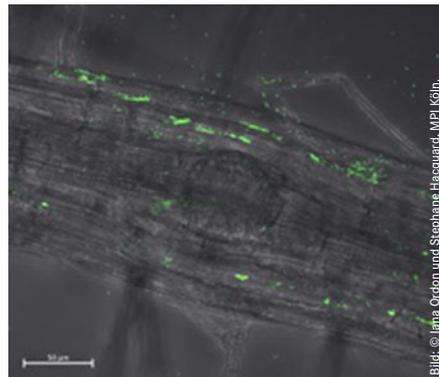


Abb.: Wurzelbesiedlung von Root179 (grün).

→ Untersuchungen von Transkriptomen von Bakterien in Pflanzen sind wegen der geringen Menge von Bakterien im Verhältnis zu zahlreichen Pflanzenzellen sowie hoher rRNA-Mengen schwierig. Die Autorinnen und Autoren entwickelten daher folgende Strategie: Sie besiedelten keimfrei angezogene Pflanzen mit einem künstlich zusammengestellten Mikrobiom; die daraus isolierte RNA unterzogen sie einer Multi-Kingdom-rRNA-Depletion und tiefsequenzierten sie; die erhaltenen Sequenzen ermittelten sie über die Referenzgenome. Die so bis hier erhaltenen Metatranskriptome führten zur Identifizierung von genetischen Faktoren, die auf eine Anpassung an die abiotischen Bedingungen in Wirtspflanzen hindeuten. Dieses experimentelle Vorgehen ermöglicht nun die Untersuchung von Metatranskriptomen zum verbesserten Verständnis, wie sich das Mikrobiom an Wirtspflanzen unter verschiedenen Bedingungen an Umwelteinflüsse anpasst.

Jingli Lao und Silke Robatzek,
LMU München,
Jingli.Lao@biologie.uni-muenchen.de,
robatzek@biologie.uni-muenchen.de ■