



Universiteit  
Leiden  
The Netherlands

## **The rhizomicrobiome of Sorghum ; impact on plant growth and stress tolerance**

Schlemper, T.R.

### **Citation**

Schlemper, T. R. (2019, January 30). *The rhizomicrobiome of Sorghum ; impact on plant growth and stress tolerance*. NIOO-thesis. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/68467>

Version: Not Applicable (or Unknown)

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/68467>

**Note:** To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle <http://hdl.handle.net/1887/68467> holds various files of this Leiden University dissertation.

**Author:** Schlemper, T.R.

**Title:** The rhizomicrobiome of Sorghum: impact on plant growth and stress tolerance

**Issue Date:** 2019-01-30

---

# Resumo

---



Micróbios do solo podem interagir com plantas de forma positiva ou negativa. Interações positivas incluem associações simbióticas entre plantas e micróbios que promovem crescimento da planta e obtenção de nutriente, enquanto interações negativas incluem patogenicidade e competição por nutrientes. Portanto, a composição do microbioma da raiz, que está relacionada a vários fatores como espécies de plantas, genótipos de plantas e tipos de solo, é de extrema importância para o crescimento e a saúde das plantas.

Sorgo é atualmente o 5º cereal mais cultivado em todo o mundo sendo economicamente importante e usado para alimentação animal e humana, em particular por agricultores de subsistência na África subsahariana. A pesquisa descrita nesta tese de PhD explora os principais fatores que determinam a composição microbiana da raiz do sorgo, e como esta composição modula o crescimento da planta e sua tolerância por stress. As abordagens empregadas neste presente estudo foram bioensaios *in vivo*, inoculação bacteriana e sequenciamento de nova geração para avaliar a composição taxonômica da comunidade microbiana da raiz de sorgo.

Para investigar o relativo impacto dos fatores tipo de solo, genótipo da planta e dos estágios de crescimento da planta na composição da comunidade microbiana da raiz de sorgo, sete diferentes genótipos de sorgo foram cultivados em casa de vegetação em dois diferentes tipos de solo (Clue Field – CF e Vredepeel – VD) e avaliados em quatro diferentes estágios de crescimento da planta (dias 10, 20, 35 e 50). Os resultados mostraram que a composição da comunidade bacteriana foi mais fortemente influenciada pelo tipo de solo seguido pelos estágios de crescimento da planta e genótipo da planta (Capítulo 2). Ademais, nos estágios iniciais de crescimento do sorgo, a composição da comunidade bacteriana rizosférica deveu-se principalmente pelo tipo de solo, enquanto nos estágios mais tardís de crescimento o genótipo da planta tornou-se o fator mais importante (Capítulo 2). Além disso, um dos genótipos, SRN-39, que cresceu no solo abandonado CF, teve abundância relativa significativamente maiores de *Acidobacteria* GP1, *Burkholderia*, *Cupriavidus* (*Burkholderiaceae*), *Acidovorax* e *Albidiferax* (*Comamonadaceae*) que os outros seis genótipos. Este resultado indica que o efeito do genótipo da planta na composição da comunidade bacteriana rizosférica de sorgo foi dependente do tipo de solo.

A fim de avaliar a dinâmica das comunidades de fungo e bactéria na rizosfera de sorgo, dois genótipos de sorgo (SRN-39 e BRS 330) cresceram em casa de vegetação em dois diferentes tipos de solo (CF e VD) e avaliados em três diferentes estágios de crescimento (dias 10, 35 e 50). Os resultados mostraram que o genótipo de sorgo SRN-39 promoveu uma co-variação mais forte entre as comunidades de bactéria e fungo quando cultivado no solo abandonado CF. Ademais, a diminuição na abundância relativa do fungo do gênero *Gibberella* ao longo do crescimento da planta foram

seguidos da diminuição das famílias bacterianas *Oxalobacteracea* e *Sphingobacteriaceae*. Sugerimos com isto que deve haver uma conexão entre estes organismos, pois ambas famílias bacterianas são conhecidas por serem antagonistas as atividades fúngicas. Não obstante, esta hipótese precisa ser experimentalmente avaliada em estudos futuros (Capítulo 3).

Objetivando investigar se plantas de sorgo pré-cultivadas em solos com diferentes composições da comunidade bacteriana respondem diferentemente a condições de deficiência de água, duas linhagens de sorgo (suscetível a seca e tolerante a seca) foram cultivadas em cinco solos diferentes por 21 dias e transplantadas com sua comunidade microbiana do rizoplane para um substrato padronizado e submetidos a diferentes condições de umidade. Os resultados mostraram que em condições de deficiência hídrica, alta abundância da família *Caulobacteraceae* no rizoplane da linhagem de sorgo suscetível a seca e da família *Rhizobiaceae* no rizoplane da linhagem tolerante a seca ocorreram em particular em plantas que foram pré-cultivadas em dois solos com histórico de regimes de baixa pluviosidade, Cerrado e Sorghum field, respectivamente. Estes resultados sugerem que o pré-cultivo de sorgo em solos com histórico de regimes de baixa pluviosidade selecionam representantes de *Alphaproteobacteria* a qual pode proporcionar uma vantagem seletiva sob condições de deficiência hídrica (Capítulo 4).

A fim de investigar potenciais atividades das bactérias promotoras de crescimento de plantas (BPCP) em sorgo, cinco estirpes de bactérias endofíticas originalmente selecionadas como BPCP em cana-de-açúcar foram inoculadas em quatro cultivares de sorgo. A inoculação dos cultivares SRN-39 e BRS330 com *Burkholderia tropica* estirpe IAC/BECa 135 ou *Herbaspirillum frisingense* estirpe IAC/BECa 152 resultou em um aumento significativo de biomassa de planta. Particularmente o cultivar SRN-39 mostrou melhor resposta de crescimento resultando em uma biomassa vegetal significativamente maior quando inoculado com a estirpe bacteriana IAC/BECa 135 (*Burkholderia tropica*) e IAC/BECa 152 (*Herbaspirillum frisingense*) comparado aos outros cultivares (Capítulo 5). Este estudo mostrou que estas estirpes bacterianas são promissoras BPCP para serem usadas como bioinoculantes no cultivo de sorgo.

Em conclusão, a pesquisa apresentada nesta tese mostrou pela primeira vez o impacto simultâneo dos fatores genótipo de planta, estágio de crescimento de planta e tipo de solo na composição da comunidade bacteriana na rizosfera de sorgo. Ademais, o genótipo de sorgo SRN-39 mostrou interessantes interações com o microbioma da raiz o qual pode ser empregado na concepção do cultivo sustentável de sorgo. No geral, os resultados descritos nesta tese evidenciam a importância de estudos da microbiota da raiz de sorgo a qual pode contribuir para que se encontre potenciais

candidatos microbianos para serem usados em práticas sustentáveis de manejo agrícola para o melhoramento da saúde e produtividade do sorgo.