



Universiteit
Leiden
The Netherlands

Diversity and functional potential of the Sorghum Root Microbiome to control: *Striga hermonthica*

Dinke, S.A.

Citation

Dinke, S. A. (2025, March 19). *Diversity and functional potential of the Sorghum Root Microbiome to control: Striga hermonthica*. NIOO-thesis. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/4198721>

Version: Publisher's Version

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

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/4198721>

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

S

Samenvatting

Samenvatting

Sorghum (*Sorghum bicolor*) is een belangrijk graangewas waar miljoenen kleinschalige boeren in Sub-Sahara Afrika van afhankelijk zijn. Sorghum bezit belangrijke agronomische eigenschappen die het tot het voorkeursgewas maken voor de teelt in de betreffende regio, waaronder de aanpassing aan droge en semi-aride groeiomstandigheden, alsook goede graanopbrengst met minimale investeringen in chemische meststoffen, pesticiden en herbiciden. De grote negatieve effecten van het wortel-parasitaire onkruid *Striga* (*Striga hermonthica*, ook bekend als “heksenkruid”) belemmeren echter de productiviteit van sorghum in Sub-Sahara Afrika aanzienlijk. In de afgelopen halve eeuw zijn verschillende beheersmaatregelen voor *Striga* ontwikkeld en geïmplementeerd, met name resistentie-veredeling, herbiciden en bodemmanagement maatregelen. Ondanks tientallen jaren van niet-aflatende inspanningen op het gebied van onderzoek en ontwikkeling is geen van deze strategieën bijzonder effectief of betaalbaar voor de zelfvoorzienende boeren in Sub-Sahara Afrika.

Het plantenmicrobioom wordt beschouwd als het tweede genoom van de plant, dat verschillende functies verleent, waaronder een verbeterde opname van voedingsstoffen en tolerantie tegen (a)biotische stressfactoren. Integratie van microbiële toepassingen met andere managementpraktijken is voorgesteld als een aanvullende benadering voor een meer robuuste en duurzame beheersing van *Striga*. Daarvoor is fundamentele kennis nodig van de dynamiek, diversiteit en het functioneel potentieel van het wortelmicrobioom van sorghum. In dit proefschrift is de taxonomische en functionele diversiteit van micro-organismen geassocieerd met wortels van sorghum onderzocht met als doel microbiële soorten te identificeren die de levenscyclus van *Striga* kunnen verstoren.

Plantenmicrobiomen zijn co-evolutionair verbonden met hun respectievelijke gastheer en staan onder constante invloed van omgevings- en genetische factoren. **Hoofdstuk 2** van dit proefschrift beschrijft de taxonomische diversiteit van het wortelmicrobioom van diverse sorghumgenotypen gekweekt in veldgronden verzameld in verschillende agro-ecologische regio's van Ethiopië. De resultaten toonden aan dat het wortelmicrobioom van genotypisch en fenotypisch verschillende sorghumvariëteiten werd beïnvloed door bodemeigenschappen en de interactie tussen bodem en sorghumgenotype. De bacteriële taxa die worden gedeeld door de twaalf sorghumgenotypen en de veldbodems, ook wel het ‘kernmicrobioom’ genoemd, omvatten taxa die behoren tot de families Pseudomonadaceae, Beijerinckiaceae en Rubrobacteriaceae. Naast deze ‘kernleden’ van het microbioom werden taxonomische groepen geïdentificeerd die nauw verbonden zijn met bepaalde sorghumgenotypen met specifieke fenotypische eigenschappen zoals droogte-tolerantie. Een opvallend resultaat was de verrijking en hoge abundantie van Rubrobacteria, een bacterie-familie die soorten herbergt die straling of hoge tempera-

turen kunnen verdragen, eigenschappen die gunstig kunnen zijn voor de groei van sorghum onder de barre abiotische omstandigheden van de droge en semi-aride gebieden in Ethiopië.

Om de functionele kenmerken van het microbioom van de sorghum-rhizosfeer verder bloot te leggen, werd shotgun-metagenomica gebruikt om het biosynthetisch potentieel en de respectieve microbiële taxa die met deze eigenschappen geassocieerd zijn te bepalen (**Hoofdstuk 3**). De resultaten toonden aan dat metabolisme en transport van afweerge relateerde verbindingen, stresstolerantie, chemotaxis en niche-adaptatie tot de belangrijkste kernfuncties behoorden. De bacteriële taxa die met deze eigenschappen werden geassocieerd, werden gedomineerd door Pseudomonadaceae, Burkholderiaceae, Enterobacteriaceae, Bradyrhizobiaceae en Oxalobacteraceae. Vervolgens werden metagenoom-geassembleerde genomen (MAGs) van verschillende van deze kerntaxa geïdentificeerd en hun biosynthetische genclusters (BGC's) onderzocht. De resultaten toonden een breed scala aan BGC's die coderen voor niet-ribosomale peptidesynthetases, polyketiden en terpenen. Toekomstige validatie-experimenten zullen nodig zijn om de rol van deze BGC's bij signalering, opname van voedingsstoffen en plantafweer tegen *Striga* te beoordelen.

Om de grotendeels onbekende interacties tussen het wortelmicrobiom van sorghum en *Striga* verder te ontrafelen, bestudeerden we de impact van *Striga*-parasitisme op de biomassa van planten, wortelmetaboloom en rhizosfeermicrobiom door middel van een geïntegreerde 'omics'-benadering (**Hoofdstuk 4**). De resultaten toonden aan dat *Striga*-infecties van de wortels van sorghum verfijnde veranderingen in het wortelmetaboloom en microbiomprofiel (d.w.z. diversiteit, functies en BGC's) induceerden. De significantie van deze veranderingen werd gekwantificeerd door differentiële abundantie-analyse en paarsgewijze vergelijkingen van controle- en *Striga*-geïnfecteerde sorghum planten. Samengestelde klassen van peptidomimetica, depsiden, en prenolipiden waren significant overvloediger in de door *Striga* besmette groepen, met name in het *Striga*-resistente sorghum genotype. Deze metabolieten van plantaardige oorsprong zijn in eerdere studies in verband gebracht met het verlichten van biotische stress. We hebben verder vastgesteld dat functies die verband houden met de biosynthese en het metabolisme van antiparasitaire en antibiotische verbindingen (d.w.z. prodigiosine, itaconaat, geraniol), stressvermindering, niche-adaptatie en biofilmvorming werden verrijkt in het wortelmicrobiom als reactie op *Striga* infectie. Interessant is dat *Striga* infecties ook de abundantie aan microbiële functies veranderden die verband houden met de biosynthese van verbindingen betrokken bij de integriteit van de wortel van de *Striga*-gevoelige sorghum genotypen, zoals cutine, suberine en was. Depletie van deze functies kan een versterkt parasitisme hebben bevorderd dat is waargenomen in de twee *Striga*-gevoelige sorghum-genotypen in vergelijking met het *Striga*-resistente genotype.

We zagen ook een verhoogde overvloed aan verschillende BGC's in het microbioom van de rhizosfeer geassocieerd met antibiotica-, antioxidant- en immunomodulatie-activiteiten bij *Striga* infecties. Met name in het microbioom van het *Striga*-resistente sorghum genotype was de abundantie van thioamitiden, lassopeptide, betalacton en hserlacton hoger ten opzichte van de *Striga*-gevoelige genotypen. Daaropvolgende isolatie van de rhizobacteriële taxa die deze BGC's herbergen, gecombineerd met transcriptoomanalyses en plaatsgerichte mutagenese, zal nodig zijn om hun functionele rol te valideren als reactie op *Striga* parasitisme.

Om de functionele rol van prominente leden van het 'kernmicrobiom' van sorghum te begrijpen, concentreerde **hoofdstuk 5** zich op de familie Pseudomonadaceae. Daartoe werden 50 *Pseudomonas* isolaten verkregen uit Ethiopische veldgrond en taxonomisch gekarakteriseerd in vergelijking met de amplicon- en shotgun-metagenoom data die werden verkregen in de microbiom-analyses (**hoofdstukken 2, 3**). Bioassays toonden vervolgens aan dat verschillende van deze *Pseudomonas*-isolaten de door strigolacton geïnduceerde kieming van *Striga* zaden via vluchtige stoffen aanzienlijk onderdrukten, terwijl sommige isolaten ook de levensvatbaarheid van de *Striga* zaden nadelig beïnvloedden. Gaschromatografie wees op S-methylmethanoethiosulfonaat en dime-thylsulfide als de vluchtige stoffen die mogelijk verantwoordelijk kunnen zijn voor de versturende effecten van deze *Pseudomonas*-isolaten op de kieming en levensvatbaarheid van *Striga*-zaden.

Ten slotte worden de belangrijkste bevindingen van dit proefschrift uitgebreid besproken in vergelijking met verwante wetenschappelijke rapporten uit andere studies (**hoofdstuk 6**). Hierbij werd de nadruk gelegd op de diversiteit en functionele kenmerken van het microbiom van de sorghum rhizosfeer, samen met factoren die de assemblage en het functioneren van het microbiom bepalen als reactie op en in interactie met het parasitaire onkruid *Striga*. Ten slotte worden toekomstperspectieven gepresenteerd over de haalbaarheid van op microben gebaseerde toepassingen als een duurzaam en betaalbaar onderdeel van een geïntegreerde controle-strategie voor het immense *Striga*-probleem in de graanproductie in Sub-Sahara Afrika.