

Interacción entre el transcriptoma del hospedador y el microbioma de la raíz en el holobionte olivo

ANTONIO J. FERNÁNDEZ-GONZÁLEZ^a, JESÚS MERCADO-BLANCO^b, MANUEL FERNÁNDEZ-LÓPEZ^a

^aDepartamento de Microbiología del Suelo y la Planta, Estación Experimental del Zaidín, CSIC. Calle Profesor Albareda 1, 18008 Granada, Spain

^bDepartamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC. Campus 'Alameda del Obispo' s/n. Avd. Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, Spain

✉ manuel.fernandez@eez.csic.es



Figura 1. Miembros de los grupos de investigación.

El olivar constituye un agro-ecosistema de gran relevancia y soporte de biodiversidad en toda la cuenca mediterránea, con indudables impactos económicos, sociales y ecológicos en España. El principal producto de su cultivo, el aceite de oliva virgen, aporta numerosos beneficios nutricionales. Esta grasa vegetal nos ayuda a reducir la aparición de enfermedades cardiovasculares como la hipertensión, algunos tipos de cáncer o la diabetes tipo 2, entre otras muchas. Además, estimula nuestro microbioma intestinal, generando una mayor diversidad de bacterias beneficiosas en nuestro sistema digestivo.

Las condiciones ambientales, pedológicas y agroclimáticas de un cultivo, como puede ser el del olivar, tienen un impacto significativo tanto en las plantas como en las comunidades microbianas que conviven con ellas. En concreto, el sistema radicular, en contacto directo con el suelo, es la zona de la planta donde se localiza la

mayor riqueza y diversidad microbiana. Es por ello, que durante décadas se ha puesto el foco de atención en dicho sistema radicular, llevándose a cabo estudios sobre los perfiles de expresión génica de la planta por un lado, y de la alteración de sus comunidades microbianas por otro, ya sea frente a situaciones de estrés biótico (por ejemplo, la infección por un patógeno, Fernández-González *et al.* 2020) o abiótico (por ejemplo, el estrés hídrico que sufren en la estación estival y que se ve agravado por la aceleración del cambio climático). Sin embargo, apenas hay estudios que evalúen al mismo tiempo el efecto de las condiciones ambientales tanto en la planta hospedadora como en la comunidad microbiana que habita en él. Desde esta perspectiva holística, y considerando al hospedador y a sus huéspedes microbianos como un todo (holobionte), es posible ir un paso más allá y estudiar las interacciones que co-ocurren entre el transcriptoma de la planta y la microbiota que alberga.

Recientemente, la colaboración entre nuestro grupo de investigación, el Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC) y la Universidad de Jaén, ha permitido identificar, por primera vez, las relaciones que se establecen entre la expresión de genes en el sistema radicular del olivo y las comunidades microbianas asociadas al mismo (Fernández-González *et al.* 2021). El estudio se centra en dos grupos de olivos cultivados en una finca situada en el banco mundial de germoplasma de olivo en el IFAPA de Córdoba (Fernández-González *et al.* 2019). De hecho, nuestro trabajo es el primero en el que se lleva a cabo este tipo de abordaje holístico en el sistema radicular, permitiendo conocer de forma detallada los genes expresados diferencialmente y los microorganismos (bacterias y hongos) cuya abundancia relativa se ve alterada por dichos genes. El trabajo se centró en dos grupos de olivos que están entremezclados en la misma finca. La diferencia más notable entre dichos grupos es que presentaban, en el momento del muestreo, un

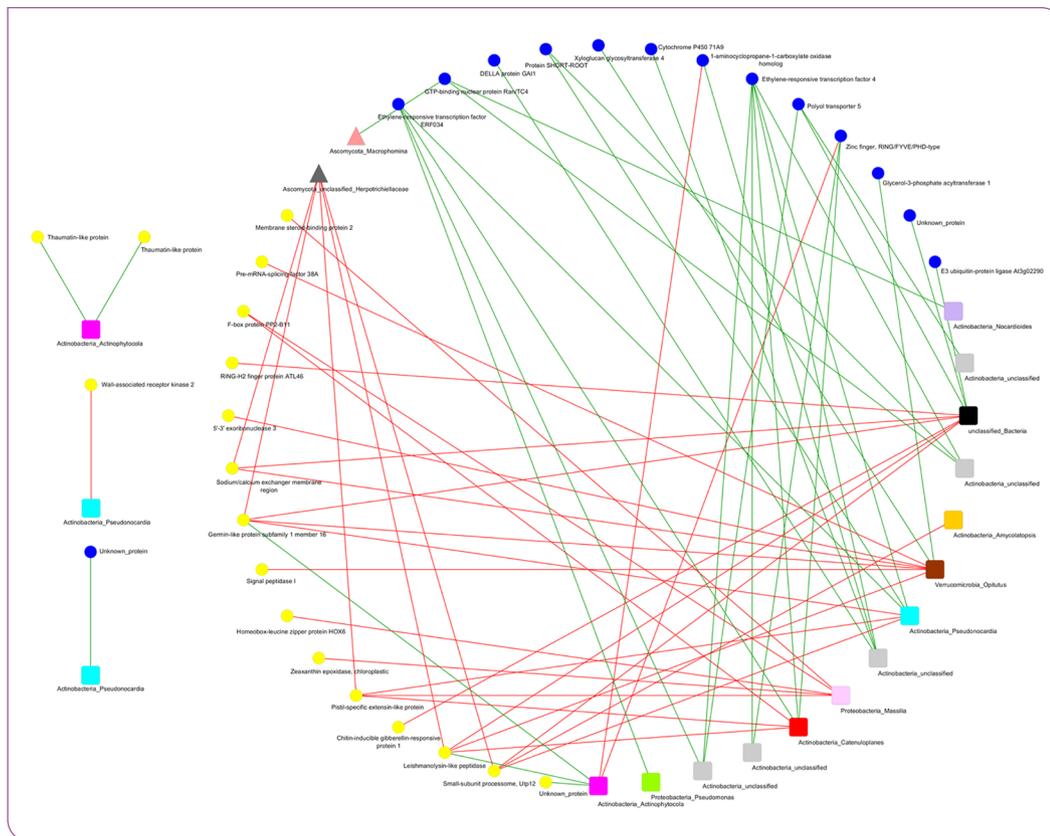


Figura 2. Redes de co-ocurrencia mostrando las interacciones entre los genes diferencialmente expresados en la raíz de olivo y los OTUs endofíticos. Sólo se muestran las correlaciones significativas ($-0.8 \leq r \leq 0.8$) de acuerdo con el método de Random Matrix Theory (RMT). Los círculos representan genes inducidos (amarillo) o reprimidos (azul) en el grupo de olivos AH. Cuadrados y triángulos representan OTUs bacterianos y fúngicos, respectivamente, coloreados de acuerdo a su anotación taxonómica. Las líneas representan las conexiones positivas (verde) y negativas (rojo). Las líneas de correlación gen-gen y OTU-OTU se han eliminado para tener una figura más clara.

perfil microbiano muy diferente habitando en el interior de sus raíces. Particularmente, el género *Actinophytocola* (*Actinobacteria*), que fue el endófito predominante en las raíces de todos los olivos estudiados, presentó una alta prevalencia en un grupo (AH) y baja en el otro grupo (AL).

El análisis de los perfiles de expresión génica de la raíz nos mostró que fueron diferentes en ambos grupos de plantas, en función de la abundancia del género *Actinophytocola*. El análisis de correlación de Pearson mostró una primera aproximación de las interacciones que ocurren entre el transcriptoma de la raíz hospedadora y la comunidad microbiana endófito. De hecho, se observó un fuerte efecto de inhibición (correlación negativa) entre la mayoría de microorganismos y los genes sobreexpresados en el grupo con alta prevalencia de *Actinophytocola*. Además, las redes de co-ocurrencia del microbioma radicular endosférico también fueron claramente diferentes. Cabe destacar que muchos de estos genes están relacionados con respuestas de protección frente a estreses bióticos o abióticos (ver Figura 2). La identificación posterior de OTUs (Unidades Taxonómicas Operativas) y genes clave,

mediante redes de co-ocurrencia, mostró interacciones significativas entre 32 genes diferencialmente expresados y 19 OTUs.

Por lo tanto, este trabajo nos ha permitido dar una visión holística de la comunicación que existe entre el sistema radicular del olivo y su microbiota endófito. No obstante, quedan otros factores a tener en cuenta, como los distintos exudados radiculares o las modificaciones estructurales de las raíces ante cada situación, para poder llegar a definir perfiles más completos que permitan conocer mejor el estado de salud de las plantas y su microbiota asociada ante un determinado escenario medioambiental. Este conocimiento permitirá desarrollar nuevas estrategias de recuperación y/o mejora de los cultivos, teniendo en cuenta no solo a la planta de interés, sino que también a su microbiota asociada, lo que de seguro repercutirá en una mejora sustancial de dichas estrategias.

Bibliografía

➤ Fernández-González AJ, Villadas PJ, Gómez-Lama Cabanás C, Valverde-Corredor A, Belaj A, Mercado-Blanco

J y Fernández-López M. (2019). Defining the root endosphere and rhizosphere microbiomes from the World Olive Germplasm Collection. *Scientific Reports* 9: 20423. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-56977-9>

➤ Fernández-González AJ, Cardoni M, Gómez-Lama Cabanás C, Valverde-Corredor A, Villadas PJ, Fernández-López M y Mercado Blanco J. (2020). Linking belowground microbial network changes to different tolerance level towards *Verticillium wilt* of olive. *Microbiome* 8: 11. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-020-0787-2>

➤ Fernández González AJ, Ramírez-Tejero JA, Nevado Berzosa M, Luque F, Fernández López M y Mercado Blanco J. (2021). Coupling the endophytic microbiome with the host transcriptome in olive roots. *Computational and Structural Biotechnology Journal* 19: 4777-4789. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2021.08.035>.