

Mecanismos moleculares de adaptación bacteriana al ambiente rizosférico. (RIZOSFERA-UAM)

RAFAEL RIVILLA Y MARTA MARTÍN

Dpto. Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid

✉ rafael.rivilla@uam.es | m.martin@uam.es



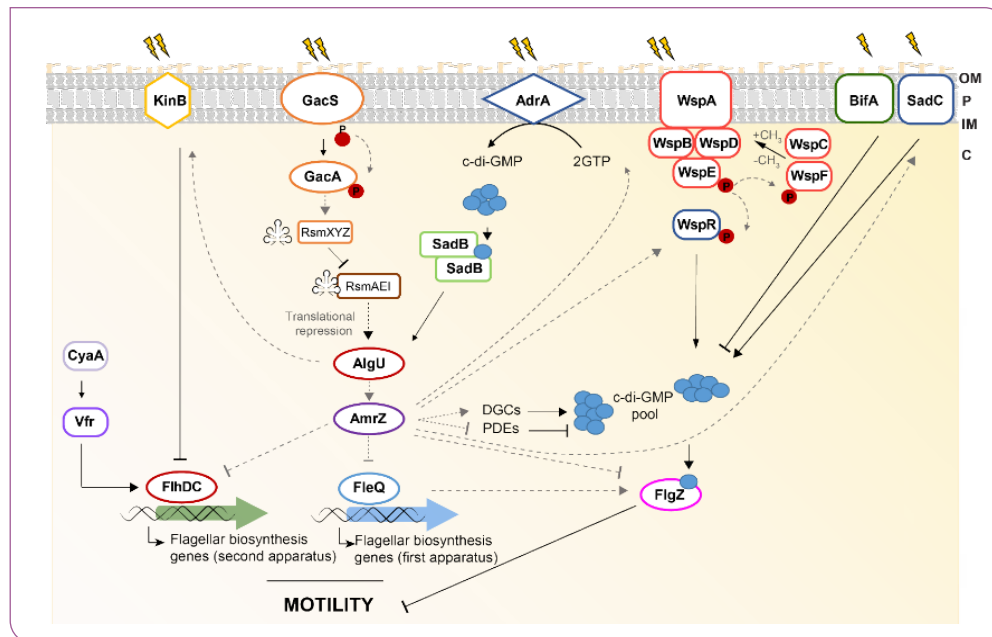
Miembros de RIZOSFERA-UAM. Desde la izquierda: M. Montoya, D. Vázquez-Arias, E. Blanco-Romero, J. Lloret, M. Redondo-Nieto, R. Rivilla, M. Martín, D. Durán y J. Dengra

Las rizobacterias juegan un papel importante en los sistemas integrados planta-microorganismo tanto para la promoción de crecimiento vegetal como en tecnologías de medio ambiente. El grupo RIZOSFERA-UAM tiene una trayectoria de más de 25 años dedicada al estudio de las interacciones beneficiosas planta-microorganismo y específicamente de los mecanismos moleculares que subyacen en el proceso de colonización de la rizosfera por bacterias. En este sentido, hemos aislado y caracterizado cepas que en asociación con la planta degradan PCBs (Garrido-Sanz et al. 2020) también se han aislado y caracterizado consorcios capaces de degradar Diesel y derivados del petróleo (Garrido-Sanz et al., 2018, 2019; Wang et al., 2021). Por otro lado, hemos diseñado, probado cepas mejoradas para promoción del crecimiento

vegetal y aislado y caracterizado bacterias naturales que han sido transferidas a empresas agro-biotecnológicas y están siendo comercializadas como inoculantes agrícolas. En nuestros estudios utilizamos como bacteria modelo *Pseudomonas ogarae* F113 (Garrido-Sanz et al., 2021), anteriormente conocida como *Pseudomonas fluorescens* F113, ya que promueve el crecimiento vegetal gracias a la producción de DAPG y de sistemas de secreción de tipo seis (T6SS), a la actividad ACC desaminasa y a la capacidad de movilizar fosfato y hierro del suelo (Redondo-Nieto et al., 2013; Durán et al., 2021). La aplicación de rizobacterias como inoculantes requiere de una colonización eficaz que las permita persistir durante un tiempo en un nicho ecológico complejo y competitivo como el rizosférico. A lo largo de los años el grupo

RIZOSFERA-UAM ha dedicado gran esfuerzo al estudio de los mecanismos de señalización molecular que acaecen durante el proceso de colonización competitiva de la rizosfera. Los análisis de epistasia (Muriel et al., 2019), ChIP-Seq y transcriptómicos realizados (Blanco-Romero et al., 2018; Blanco Romero et al., 2022), nos han permitido desentrañar una red compleja de señalización (ver **Figura 1**) que cuenta con un nodo regulador central formado por dos factores transcripcionales globales: AmrZ y FleQ que controlan las respuestas de F113 a los cambios ambientales, principalmente a través de la molécula señal diGMPc (Muriel et al., 2018; Blanco-Romero et al., 2018). Hemos analizado los componentes de la matriz extracelular (EMCs) de F113 susceptibles de ser regulados por altos niveles de di-GMPc, habiendo

Figura 1. Modelo de regulación de la movilidad en *P. ogarae* F113.



caracterizado un nuevo exopolisacárido denominado Pap (Polisacárido Ácido de *Pseudomonas*). Además, el análisis genómico comparativo de los EMCs de las *pseudomonas* ha mostrado una distribución filogenética de los mismos y ha revelado la existencia de un nuevo pili del tipo *flp-tad*. Estas dos estructuras parecen haber co-evolucionado y se asocian con *pseudomonas* beneficiosas colonizadoras de la rizosfera (Blanco-Romero *et al.*, 2020). Por último, basados en todo el conocimiento adquirido hasta el momento y aplicando técnicas de genómica comparada y genómica funcional nos encontramos aislando y caracterizando cepas naturales que nos permiten diseñar consorcios sintéticos (Syn-Com) que podrán ser utilizados como inoculantes en aplicaciones agrícolas y de medioambiente (Garrido-Sanz *et al.*, 2018).

Referencias

- ▶ Blanco-Romero E, Redondo-Nieto M, Martínez-Granero F, Garrido-Sanz D, Ramos-González MI, Martín M y Rivilla R. (2018) Genome-wide analysis of the FleQ direct regulon in *P. fluorescens* F113 and *P. putida* KT2440. *Sci Rep.* 8(1):13145.
- ▶ Blanco-Romero E, Garrido-Sanz D, Rivilla R, Redondo-Nieto M y Martín M. (2020) In Silico characterization and phylogenetic distribution of EMCs in the model rhizobacteria *Pseudomonas fluorescens* F113 and other *pseudomonas*. *Microorganisms* 8(11), 1740.
- ▶ Durán D, Bernal P, Vazquez-Arias D, Blanco-Romero E, Garrido-Sanz D, Redondo-Nieto M, Rivilla R y Martín M. (2021) *P. fluorescens* F113 type VI secretion systems mediate bacterial killing and adaption to the rhizosphere microbiome. *Sci. Rep.* (2021) 11:5772
- ▶ Garrido-Sanz D, Manzano J, Martín M, Redondo-Nieto M, Rivilla R. (2018) Metagenomic analysis of a biphenyl-degrading soil bacterial consortium reveals the metabolic roles of specific populations. *Front Microbiol.* 9:232.
- ▶ Garrido-Sanz D, Redondo-Nieto M, Guirado M, Pindado Jiménez O, Millán R, Martín M, Rivilla R. (2019) Metagenomic insights into the bacterial functions of a Diesel-degrading consortium for the rhizoremediation of Diesel-polluted soil. *Genes (Basel).* 10(6)456
- ▶ Garrido-Sanz D, Redondo-Nieto M, Martín M y Rivilla R. (2020). Comparative genomics of the *Rhodococcus* genus shows wide distribution of biodegradation traits. *Microorganisms* 8(5), 774.
- ▶ Garrido-Sanz D, Redondo-Nieto M, Martín M y Rivilla R. (2021) Comparative genomics of the *P. corrugata* subgroup reveals high species diversity and allows the description of *Pseudomonas ogarae* sp. Nov. *Microb Genom* 2021 Jun;7(6).
- ▶ Muriel C, Arrebola E, Redondo-Nieto M, Martínez-Granero F, Jalvo B, Pfeilmeier S, Blanco-Romero E, Baena I, Malone JG, Rivilla R y Martín M. (2017) AmrZ is a major determinant of c-di-GMP levels in *Pseudomonas fluorescens* F113. *Sci Rep.* 8(1):1979.
- ▶ Muriel C, Blanco-Romero E, Trampari E, Arrebola E, Durán D, Redondo-Nieto M, Malone JG, Martín M y Rivilla R. (2019) The diguanylate cyclase AdrA regulates flagellar biosynthesis in *Pseudomonas fluorescens* F113 through SadB. *Sci Rep.* 9(1):8096.
- ▶ Wang M, Garrido-Sanz D, Sansegundo-Lobato P, Redondo-Nieto M, Conlon R, Martín M, Mali R, Liu X, Dowling DN, Rivilla R y Germaine KJ. (2021) Soil Microbiome Structure and Function in Ecopiles Used to Remediate Petroleum-Contaminated Soil. *Front. Environ. Sci.*, 15 March 2021 | <https://doi.org/10.3389/fenvs.2021.624070>
- ▶ Redondo-Nieto M, Barret M, Morrissey J, Germaine K, Martínez-Granero F, Barahona E, Navazo A, Sánchez-Contreras M, Moynihan J, Muriel C, Dowling DN, O'Gara F, Martín M, Rivilla R. (2013) Genome sequence reveals that *Pseudomonas fluorescens* F113 possesses a large and diverse array of systems for rhizosphere function and host interaction. *BMC Genomics* 14:54.