

Genus Variovorax is a key player in the root microbiome

Michel Delseny

▶ **To cite this version:**

Michel Delseny. Genus Variovorax is a key player in the root microbiome. Comptes Rendus Biologies, 2020, 343 (3), pp.221-222. 10.5802/crbiol.28> . hal-03313843

HAL Id: hal-03313843
https://univ-perp.hal.science/hal-03313843

Submitted on 4 Aug 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

INSTITUT DE FRANCE
Académie des sciences

Comptes Rendus
Biologies

Michel Delseny

Genus *Variovorax* is a key player in the root microbiome

Volume 343, issue 3 (2020), p. 221-222.

<https://doi.org/10.5802/crbiol.28>

© Académie des sciences, Paris and the authors, 2020.
Some rights reserved.

This article is licensed under the
Creative Commons Attribution 4.0 International License.
http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/

Les Comptes Rendus. Biologies *sont membres du*
Centre Mersenne pour l'édition scientifique ouverte
www.centre-mersenne.org

Comptes Rendus
Biologies
2020, 343, nº 3, p. 221-222
https://doi.org/10.5802/crbiol.28

News and Views / *C'est apparu dans la presse*

Genus *Variovorax* is a key player in the root microbiome

Le genre Variovorax, un acteur clé du microbiome racinaire

Michel Delseny [a]

[a] Laboratoire Génome et Développement des Plantes, UMR5096 CNRS-UPVD, Université de Perpignan via Domitia, 66860 Perpignan, France
E-mail: delseny@univ-perp.fr

Manuscript received and accepted 26th October 2020.

Plant microbiome [1] interferes with plant phenotypes by acting on plant fitness, access to nutriments, stress tolerance, disease resistance and growth capacity [2]. However, the myriad of interactions between microorganisms in a natural plant microbiome are largely unknown, and thereby the mechanisms which are shaping the resulting phenotypes. A recent approach of this problem relies on the use of a reconstructed microbiome [3], previously described [4], made of 185 bacteria species, whose genomes have been sequenced [1]. Such an artificial microbiome is inoculated to sterile Arabidopsis plantlets, either under normal growth conditions or under a variety of stress conditions.

For each situation, the enrichment of a given species in the plant or in the substrate is measured. This led the authors to define 4 groups of species: group A contains species enriched in the substrate, group B species which do not show any difference between plantlets and substrate and two groups of alphaproteobacteria (C) and actinobacteria (D) which are enriched in the plantlets. When plantlets are inoculated with subpopulations A, B, C, or D, a root growth inhibition is observed only with groups C or D, but this effect is reverted when C or D are co-inoculated with group A. This indicates that group A contains bacteria able to interfere with those of groups C and D to restore root growth. Co-inoculating plants with populations C or D and individual strains from group A identified genus Variovorax as the responsible for this effect. Root growth is known to be inhibited by the various plant hormones auxin, ethylene and cytokinines. All Variovorax strains have been shown to be able to mitigate root growth inhibition caused by auxin and ethylene, but not by cytokinines. Further analysis revealed that Variovorax strains contained genes involved in auxin degradation, thus providing a mechanism explaining the observed effects. Therefore, this genus is a key-player to maintain root growth in a complex ecosystem. Similar results were obtained with tomato plantlets.

French version

Le microbiome des plantes [1] interfère avec leur phénotype en agissant sur leur bon état physique, leur accès aux nutriments, leur tolérance aux stress, leur résistance aux pathogènes, ou encore leur capacité de croissance [2]. Cependant les interactions entre bactéries au sein du microbiome sont largement inconnues et, par suite, les mécanismes par lesquels elles modifient les phénotypes. Une approche récente de cette question [3] s'appuie sur la reconstitution d'un microbiome représentatif, précédemment défini [4], constitué de 185 espèces bactériennes dont les génomes ont été séquencés [1]. Il est inoculé à des plantules d'Arabidopsis stériles, en conditions normales ou en diverses conditions de stress.

Dans un premier temps, l'enrichissement des différentes espèces dans la plante et dans le substrat a été mesuré. Les auteurs ont ainsi pu regrouper les différentes espèces en 4 groupes : un groupe d'espèces enrichies dans le substrat (A), un qui ne présentait pas de variation (B) et deux groupes, correspondant respectivement à des alphaprotéobactéries (C) et des actinobactéries (D), qui étaient enrichies sur la plante. Ils ont observé que les plantes inoculées avec les bactéries des groupes C et D présentaient un phénotype d'inhibition de la croissance racinaire qui disparaissait lorsque les plantes étaient inoculées avec un mélange AC ou AD, indiquant que le groupe A contenait des espèces capables d'interférer avec les bactéries inhibitrices de la croissance racinaire. En testant individuellement chacune des espèces du groupe A en association avec les populations C et D, il est apparu que les bactéries du genre Variovorax étaient responsables de la restauration de la croissance racinaire. Celle-ci est inhibée par plusieurs hormones végétales : l'auxine, l'éthylène et les cytokinines. Toutes les souches de Variovorax sont capables de lever les inhibitions provoquées par l'auxine et l'éthylène, mais pas celle provoquée par les cytokinines. La poursuite de l'étude a montré que les souches de Variovorax possèdent une série de gènes dont la fonction est de dégrader l'auxine. Ainsi, ce genre est un acteur clé du microbiome végétal, capable de dégrader l'auxine produite par les bactéries inhibitrices et capable de maintenir la croissance racinaire au sein d'un écosystème complexe. Des résultats similaires ont été obtenus avec des plantules de tomate.

References

[1] A. Levy *et al.*, "Genomic features of bacterial adaptation to plants", *Nature Genet.* **50** (2018), p. 138-150.

[2] P. Trivedi *et al.*, "Plant–microbiome interactions: from community assembly to plant health", *Nature Rev. Microb.* **18** (2020), p. 607-621.

[3] O. M. Finkel *et al.*, "A single bacterial genus maintains root growth in a complex microbiome", *Nature* (2020), p. 103-108.

[4] O. M. Finkel *et al.*, "The effects of soil phosphorus content on plant microbiota are driven by the plant phosphate starvation response", *PLoS Biol.* **17** (2019), article no. e3000534.